

PCT/JP99/03929

10.08.99

日本国特許庁  
PATENT OFFICE  
JAPANESE GOVERNMENT

RECD 22 OCT 1999
WIPO PCT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

是れ

出願年月日  
Date of Application: 1998年 9月 9日

出願番号  
Application Number: 平成10年特許願第254736号

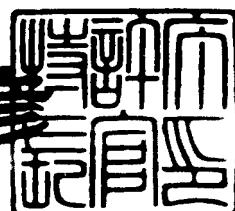
出願人  
Applicant(s): 財団法人相模中央化学研究所  
株式会社プロテジーン

PRIORITY  
DOCUMENT  
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN  
COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

1999年10月 8日

特許庁長官  
Commissioner  
Patent Office

近藤 隆



出証番号 出証特平11-3059879

【書類名】 特許願  
【整理番号】 S018165  
【提出日】 平成10年 9月 9日  
【あて先】 特許庁長官殿  
【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトタンパク質およびそれをコードするDNA  
【請求項の数】 6  
【発明者】  
【住所又は居所】 神奈川県相模原市若松3-46-50  
【氏名】 加藤 誠志  
【発明者】  
【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂5-13-11  
【氏名】 山口 知子  
【特許出願人】  
【代表出願人】  
【識別番号】 000173762  
【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号  
【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所  
【代表者】 近藤 聖  
【電話番号】 0427(42)4791  
【特許出願人】  
【識別番号】 596134998  
【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号  
【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン  
【代表者】 棚井 文雄  
【電話番号】 03(3792)1019  
【手数料の表示】  
【予納台帳番号】 011501  
【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】	明細書 1
【物件名】	図面 1
【物件名】	要約書 1
【ブルーフの要否】	要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 疎水性ドメインを有するヒトタンパク質およびそれをコードするDNA

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項2】 請求項1記載の蛋白質のいずれかをコードするDNA。

【請求項3】 配列番号11から配列番号20で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA。

【請求項4】 配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項3記載のcDNA。

【請求項5】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAをインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター。

【請求項6】 請求項2から請求項4のいずれかに記載のDNAを発現し、請求項1記載の蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞に関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒトcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このcDNAがコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。これらの遺伝子を導入して分泌蛋白質や膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用できる。

【0002】

【従来の技術】

細胞は多くの蛋白質を細胞外に分泌している。これらの分泌蛋白質は、細胞の増殖制御、分化誘導、物質輸送、生体防御などにおいて重要な役割を果たしている。分泌蛋白質は細胞内蛋白質と異なり細胞外で作用するので、注射や点滴などによる体内投与が可能であり、医薬としての可能性を秘めている。事実、インターフェロン、インターロイキン、エリスロポイエチン、血栓溶解剤など、多くのヒト分泌蛋白質が現在医薬として使用されている。また、これら以外の分泌蛋白質についても臨床試験が進行中であり、医薬品を目指した用途開発がなされている。ヒト細胞は、まだ多くの未知の分泌蛋白質を生産していると考えられており、これらの分泌蛋白質並びにそれをコードしている遺伝子が入手できれば、これらを用いた新しい医薬品開発が期待できる。

## 【0003】

一方、膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャンネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャンネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローニングされている。これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

## 【0004】

従来、これらの分泌蛋白質や膜蛋白質は、ヒト細胞から精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを真核細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする活性を有する蛋白質を分泌発現あるいは膜表面上に発現している細胞をスクリーニングする、いわゆる発現クローニング法である。しかしこの方法

一般に分泌蛋白質や膜蛋白質は、蛋白質内部に少なくとも一個所疎水性ドメイン

ンを有しており、リボソームで合成された後、このドメインが分泌シグナルとして働いたり、リン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長cDNAの全塩基配列を決定してやり、そのcDNAがコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い領域が存在すれば、そのcDNAは分泌蛋白質や膜蛋白質をコードしていると考えられる。

#### 【0006】

##### 【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、疎水性ドメインを有する新規のヒト蛋白質、この蛋白質をコードするDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現しうる形質転換真核細胞を提供することである。

#### 【0007】

##### 【課題を解決するための手段】

本発明者らは銳意研究の結果、ヒト完全長cDNAバンクの中から疎水性ドメインを有する蛋白質をコードするcDNAをクローニングし、本発明を完成した。すなわち、本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードするDNA、例えば配列番号11から配列番号30で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA、並びにこのDNAをインビトロ翻訳あるいは真核細胞内で発現しうる発現ベクター、及びこのDNAを発現し上記蛋白質を生産しうる形質転換真核細胞を提供する。

#### 【0008】

##### 【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の疎水性ドメインをコードするDNAを用いて組換えDNA技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換えDNA技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明のcDNAを有するベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鑄型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベ

クターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌等の原核細胞や、酵母、昆虫細胞、哺乳動物細胞等の真核細胞で、コードしている蛋白質を大量に発現させることができる。

## 【0009】

本発明の蛋白質を、インビトロ翻訳でDNAを発現させて生産させる場合には、このcDNAの翻訳領域を、RNAポリメラーゼプロモーターを有するベクターに組換え、プロモーターに対応するRNAポリメラーゼを含む、ウサギ網状赤血球溶解物や小麦胚芽抽出物などのインビトロ翻訳系に添加してやれば、本発明の蛋白質をインビトロで生産することができる。RNAポリメラーゼプロモーターとしては、T7、T3、SP6などが例示できる。これらのRNAポリメラーゼプロモーターを含むベクターとしては、pKA1、pCDM8、pT3/T7 18、pT7/3 19、pBlue script IIなどが例示できる。また、反応系にイヌ臍臍ミクロソームなどを添加してやれば、本発明の蛋白質を分泌型あるいはミクロソーム膜に組み込まれた形で発現することができる。

## 【0010】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物でDNAを発現させて生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、この発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、このcDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。この融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによってこのcDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。大腸菌用発現ベクターとしては、pUC系、pBlue script

本発明の蛋白質を、真核細胞でDNAを発現させて生産させる場合には、この

cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する真核細胞用発現ベクターに組換え、真核細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を分泌生産あるいは膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。発現ベクターとしては、pKA1、pED6dpc2、pCDM8、pSVK3、pMSG、pSVL、pBK-CMV、pBK-RSV、EBVベクター、pRS、pYES2などが例示できる。真核細胞としては、サル腎臓細胞COS7、チャイニーズハムスター卵巣細胞CHOなどの哺乳動物培養細胞、出芽酵母、分裂酵母、カイコ細胞、アフリカツメガエル卵細胞などが一般に用いられるが、本蛋白質を発現できるものであれば、いかなる真核細胞でもよい。発現ベクターを真核細胞に導入するには、電気穿孔法、リン酸カルシウム法、リポソーム法、DEAEデキストラン法など公知の方法を用いることができる。

## 【0012】

本発明の蛋白質を原核細胞や真核細胞で発現させたのち、培養物から目的蛋白質を単離精製するためには、公知の分離操作を組み合わせて行うことができる。例えば、尿素などの変性剤や界面活性剤による処理、超音波処理、酵素消化、塩析や溶媒沈殿法、透析、遠心分離、限外濾過、ゲル濾過、SDS-PAGE、等電点電気泳動、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、アフィニティクロマトグラフィー、逆相クロマトグラフィーなどがあげられる。

## 【0013】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で分泌される。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法〔特開平8-187100〕を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な真核細胞

で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

[0014]}

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。このDNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

[0015]

本発明の cDNA は、例えばヒト細胞由来 cDNA ライブライリーからクローニングすることができる。cDNA はヒト細胞から抽出した ポリ (A)<sup>+</sup> RNA を鑄型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNA は、岡山-Berg 法 [Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2: 161-170 (1982)]、Gubler-Hoffmann 法 [Gubler, U. and Hoffmann, J., Gene 25: 263-269 (1983)] などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローニングを得るために、実施例にあげたようなキャッピング法 [Kato, S. et al., Gene 150: 243-250 (1994)] を用いることが望ましい。また市販のヒト cDNA ライブライリーを用いることもできる。cDNA ライブライリーから本発明の cDNA をクローニングするには、本発明の cDNA の任意の部分の塩基配列に基づいてオリゴヌクレオチドを合成し、これをプローブとして用いて、公知の方法によりコロニーあるいはプラークハイブリダイゼーションによるスクリーニングを行えばよい。また、目的とする cDNA 断片の両末端にハイブリダイズするオリゴヌクレオチドを合成し、これをプライマーとして用いて、ヒト細胞から単離した mRNA から RT-PCR 法により、本発明の cDNA 断片を調製することもできる。

【 0 0 1 6 】

特徴とするものである。それぞれのクローニング番号 (HP 番号) 、 cDNA クローニング番号

ンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

## 【0017】

## 【表1】

表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、11、21	HP01470	胃癌	1619	358
2、12、22	HP02419	胃癌	2054	226
3、13、23	HP02631	Saos-2	1380	195
4、14、24	HP02695	胃癌	1292	339
5、15、25	HP10031	Saos-2	2168	487
6、16、26	HP10530	Saos-2	1357	393
7、17、27	HP10541	胃癌	711	196
8、18、28	HP10550	胃癌	651	107
9、19、29	HP10590	HT-1080	1310	350
10、20、30	HP10591	HT-1080	1400	107

## 【0018】

なお、配列番号11から配列番号30のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

## 【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号11から配列番号30において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇には

いる。

【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号10で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0021】

本発明のcDNAには、配列番号11から配列番号20で表される塩基配列あるいは配列番号21から配列番号30で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアンチセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0022】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用いた。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0023】

(1) 疎水性ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選別

cDNAライブラリーとして、フィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリー(WO98/11217)、骨肉腫細胞株Saos-2cDNA

ライブラリーを用いた。

ら完全長cDNAクローンを選択し、その全塩基配列決定を行い、完全長cDN

A クローンからなるホモ・プロテイン cDNA バンクを構築した。ホモ・プロテイン cDNA バンクに登録された完全長 cDNA クローンがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittle の方法 [Kyte, J. & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157: 105-132 (1982)] により、疎水性／親水性プロフィールを求め、疎水性ドメインの有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に分泌シグナルや膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域があるクローンを候補クローンとして選別した。

## 【0024】

## (2) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明の cDNA を有するプラスミドベクターを用いて、TNT ウサギ網状赤血球溶解物キット（プロメガ社製）によるインビトロ転写／翻訳を行なった。この際 [<sup>35</sup>S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド 2  $\mu$ g を、TNT ウサギ網状赤血球溶解物 12.5  $\mu$ l、緩衝液（キットに付属）0.5  $\mu$ l、アミノ酸混合液（メチオニンを含まない）2  $\mu$ l、[<sup>35</sup>S] メチオニン（アマーシャム社）2  $\mu$ l (0.37 MBq/ $\mu$ l)、T7 RNA ポリメラーゼ 0.5  $\mu$ l、RNasin 20U を含む総量 25  $\mu$ l の反応液中で 30°C で 90 分間反応させた。また、膜系存在下の実験は、この反応系に、イヌ臍臍ミクロソーム画分（プロメガ）2.5  $\mu$ l を添加して行った。反応液 3  $\mu$ l に SDS サンプリングバッファー (125 mM トリス塩酸緩衝液、pH 6.8, 120 mM 2-メルカプトエタノール、2% SDS 溶液、0.025% ブロモフェノールブルー、20% グリセロール) 2  $\mu$ l を加え、95°C 3 分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

## 【0025】

## (3) COS7 による発現

本発明の蛋白質の発現ベクターを有する大腸菌を 100  $\mu$ g/ml アンピシリン含有 2 x YT 培地 2 ml 中で 37°C 2 時間培養した後、ヘルパー ファージ M13KO7 (50  $\mu$ l) を添加し、37°C で一晩培養した。遠心によって分離した

上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを  $100\mu l$  の  $1\text{mM}$  トリス- $\text{O}^-$ 、 $1\text{mM}$  EDTA、 $\text{pH} 8$  (TE) に懸濁した。

## 【0026】

サル腎臓由来培養細胞COS7は、 $10\%$ ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル(DMEM)培地中、 $5\% \text{CO}_2$ 存在下、 $37^\circ\text{C}$ で培養した。 $1 \times 10^5$ 個のCOS7細胞を6穴プレート(ヌンク社、穴の直径 $3\text{cm}$ )に植え、 $5\% \text{CO}_2$ 存在下、 $37^\circ\text{C}$ で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに $50\text{mM}$ トリス塩酸( $\text{pH} 7.5$ )を含むDMEM(TDM)で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液 $1\mu l$ 、DMEM培地 $0.6\text{ml}$ 、TRANSFECTAM<sup>TM</sup>(IBF社) $3\mu l$ を懸濁したものを添加し、 $5\% \text{CO}_2$ 存在下、 $37^\circ\text{C}$ で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDMで細胞表面を洗浄し、 $10\%$ ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり $2\text{ml}$ 加え、 $5\% \text{CO}_2$ 存在下、 $37^\circ\text{C}$ にて2日間培養した。培地を [ $^{35}\text{S}$ ] システインあるいは [ $^{35}\text{S}$ ] メチオニンを含む培地に交換した後、1時間培養した。遠心分離によって、培地と細胞を分けたあと、培地画分と細胞膜画分の蛋白質を SDS-PAGEにかけた。

## 【0027】

## (4) クローン例

<HP01470> (配列番号1、11、21)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP01470のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、 $157\text{bp}$ の5'非翻訳領域、 $1077\text{bp}$ のORF、 $385\text{bp}$ の3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは358アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図1にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORF

の疎水性アミノ酸残基の数は、 $40\text{kDa}$ と何らかの修飾を受けたと思われる $43$ 、 $5\text{kDa}$ の産物が生成し

た。分泌シグナル配列切断部位予測法である（-3、-1）規則を適用すると、成熟蛋白質は23番目のグリシンから始まると予想される。

[ 0 0 2 8 ]

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質39.9 kDa (SWISS-PROTアクセション番号Q10005)と類似性を有していた。表2に、本発明のヒト蛋白質(HP)と線虫仮想蛋白質39.9 kDa (CE)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、58.9%の相同性を有していた。

【0029】

[表 2]

表 2

\*.\*.\*.\*....\*\* \*\* \*..\*\*\*\*\*.\*\*\*..\*.\*... \* ..\*.\*..\*. \*.\*.\*\*\*

CE LRKKDEGMPSLEDNNKKGMLVVTFDVEFPKTELSDEQKAQIIEILQQNTVKPKAYNGL

## 【0030】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA282838）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

## 【0031】

<HP02419>（配列番号2、12、22）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP02419のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、253bpの5'非翻訳領域、681bpのORF、1120bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは226アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図2にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

## 【0032】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト仮想蛋白質KIAA0108（SWISS-PROTアクセション番号Q15012）と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒト仮想蛋白質KIAA0108（KI）のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、43.9%の相同性を有していた。

## 【0033】

【表3】

HP	MKMYAPWTRFYSNSCCLCCHVRTGTILLGVWYLIINAVVLLILLSALADPD---QY
----	--

【0 0 3 4】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA173214）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

[0035]

$\langle \text{H P O } 2 \ 6 \ 3 \ 1 \rangle$  (配列番号 3、 13、 23)

ヒト骨肉腫細胞株 Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローン HP02631のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、42bpの5' 非翻訳領域、588bpのORF、750bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。49番目のアミノ酸残基は停止コドンになっているが、翻訳産物の分子量や線虫ホモログとの配列比較データを参照すると、この部分はセレンシスティンである可能性が高い。ORFは195アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが、中間部に1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、58kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌シグナルが切断

された考えられる 56 kDa の産物が生成した。いずれも、ORF から予想される分子量 22 kDa より大きいので、他の蛋白質と相互作用している可能性が高い。

【0036】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、線虫仮想蛋白質 C 3 5 C 5. 3 (EMBL アクセション番号 Z 7 8 4 1 7) と類似性を有していた。表 4 に、本発明のヒト蛋白質 (H P) と線虫仮想蛋白質 C 3 5 C 5. 3 (C E) のアミノ酸配列の比較を示す。本蛋白質のアミノ酸配列の中で、49番目の U はセレノシステインを表す。- はギャップを、\* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N 末端領域を除く全領域にわたって、37.9% の相同性を有していた。本蛋白質の49番目の停止コドン (セレノシステイン) の部分は、線虫蛋白質においてはシステインとなっていた。

[0037]

[表4]

表 4

HP MRLLLLL  
CE MRIHDELQKQDMSRFGVFIIGVLFFMSVCDVLRTEEHSHDENHVHEKDDFEAEFGDETDS  
HP LLVAASAMVRSEASANLGGVPSKRLKMQYATGPLLKQICVSUGYRRVFEEYMRVISQRV  
\* \*.. \*\*\* \*.\*... \*...\*  
CE QSFSQGTEEDHIEVREQSSFKPTAVHHAKDLPTLRIFYCVSCGYKQAFDQFTTFAKEKY  
HP PDIRIEGENYLPQPIYRHIASFLSVFKLVLIGLIIVGKDPFAFFGMQAPSIWQWGQENKV  
\*...\*\*\*.\* \* ..\* \*\* \*.... \*.. \* .\*\*. \*\*. \* \* \* ...\*\*.  
CE PNMPIEGANFAPVLWKAYVAQALSFVKMAVLVVLGGINPFERFGLGYPQILQAHGNKM

HP MDSIPHRS

CE APVNTESFGEFQQTV

## 【0038】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA156969）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

## 【0039】

<HP02695>（配列番号4、14、24）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP02695のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、112bpの5'非翻訳領域、1020bpのORF、160bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは339アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、3箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図4にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量38,274とほぼ同じ38kDaの翻訳産物が生成した。

## 【0040】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ラット高血圧誘導蛋白質S-2断片（PIRアクセション番号539959）と類似性を有していた。表5に、本発明のヒト蛋白質（HP）とラット高血圧誘導蛋白質S-2断片（RN）のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。全領域にわたって、74.3%の相同性を有していた。

## 【0041】

## 【表5】

表5

HP MNWELLWLLVLLVLLVLLVLLVQVLLRFLRADGDLTLLWAEWQGRRPEWELTDMVVWVTGASS

HP GIGEELAYQLSKLGVSLLSARRVHELERVKRRCLENGNLKEKDI LVLPLDL TDTGSHEA

\*\*\*\*\*. \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\*. \*\*\*\*\*. \*\*\*. \*\*\*.

RN VKRRSLENGNLKEKDILVLPPLADTSSHDI

HP ATKAVLQEFGRIDILVNNGGMSQRSLCMDTSLDVRKIELNYLGTVSLTKCVLPHMIER

RN ATKTQLQEFGRIDILVNNGGVAHASLVENTNMDIFKVLIEVNLYGTVSLTKCFLPHMMER

HP KQGKIVTVNSILGIISVPLSIGYCASKHALRGFFNGLRTTELATYPGIIVSNICPGPVQSN

• \* \* \* \* . . . \*

THE INQUIRIES

[0042]

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号T84331）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

[ 0 0 4 3 ]

<HP10031> (配列番号5、15、25)

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10031のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、55 bpの5' 非翻訳領域、1464 bpのORF、649 bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは487アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、11箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビト

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、

線虫仮想蛋白質 CELK07H8 (GenBank アクセション番号 AF047659) と類似性を有していた。表6に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と線虫仮想蛋白質 CELK07H8 (CE) のアミノ酸配列の比較を示す。- はギャップを、\* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N末端側を除く全領域にわたって、44.2%の相同性を有していた。

【0045】

【表6】

表6

HP

MDGTETRQRRLDSCGKPGELGLPHPLSTGGLPVAS

CE MKGGGGIGDGKDYQSAVHEGLTFDQLGIALEDVGKSMDAETATPGGSLFSRVIFRFRN

HP EDGALRAPESQSVTPKPLETEPSRETAWSIGLQVTVPFMAGLGLSWAGMLLDYFQHWPV

\*....\*.... . . . . \*.... . . \*\* \* \* \*\*\*. .\*\*\*..\*. \*\*.

CE ENSSLKSRTYDHSDLVNMSVIPAESSYVLFFQVLFPFAVAGLGMVFAGLVLSIVVTWPL

HP FVEVKDLLTLVPPVLVGLKGNLEMTLASRLSTAANTGQIDDPQEQRVISSNLALIQVQAT

\* \*. .\*.\*\*\*. \*.\*\*\*\*\* \* \* \* ..\*. . . \* . .\*\*\*.\*\*\*\*\*

CE FEEIPEILILVPALLGLKGNLEMTLASRLSTLANLGHMDSSKQRKDVVIANLALVQVQAT

HP VVGLLAAVAALLLGVVSREEVDVAKVELLCASSVLTAFLAFAVGVLVLCIVIGARKLGV

\* \*..\*\*.. \* \* . . . \* \* . \*.\*\*\*\*. \*\* \* . . \* . .\*\*\*. . . . . . . .

CE VVAFLASAFAAALAFIPSGDFDWAHGALMCASSLACASASLVLSSLMVVVIVTSRKYN

HP NPDNIATPIAASLGDLITLSILALVSSFFYR-HKDSRYLTPLVCLSFAALTPVWVLIAKQ

\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*.\*\*. .\* \* . \* . . \* . \* . \* . \* . \* . \* .

CE NPDNVATPIAASLGDLTTLTVLAFFGSVFLKAHNTESWLNIVIVLFLLLLPFWIKIANE

HP SPPIVKILKFGWFPIILAMVISSFGGLILSKTVSKQQYKGMAIFTPVICVGGNLVAIQT

. . . . \* \* \* . . \* . . \* . . \* . . . . . . . . . . . . . . . . . . .

CE NEGTQETLYNGWTPVIMSMLISSAGGFILETAV--RRYHSLSTYGPVLNGVGGNLAAVQA

HP SRISTYLMWSAPGVPLQ--MKKFWPNPCSTFCTSEINSMSARVLLLLVVPGHLIF-FY

[0046]

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA334000）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0047】

<HP10530> (配列番号 6、16、26)

ヒト骨肉腫細胞株Saos-2 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10530のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、80 bpの5' 非翻訳領域、1182 bpのORF、95 bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは393 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量44,912よりやや大きい46 kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌シグナルが切断された考えられる45.5 kDaの産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3, -1)規則を適用すると、成熟蛋白質は23番目のリジン

THE BOSTONIAN

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、

シロイナズナ仮想蛋白質 I G 0 0 2 N 0 1 (GenBank アクセション番号 A F 0 0 7 2 6 9) と類似性を有していた。表 7 に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とシロイナズナ仮想蛋白質 I G 0 0 2 N 0 1 (AT) のアミノ酸配列の比較を示す。- はギャップを、\* は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。N 末端側 3 5 5 アミノ酸残基にわたって、27.0% の相同性を有していた。

[0049]

【表7】

表 7

HP

AT MELTSFQKSPSSNDVVSFSVSLVRNSMARRRSSAAESLKRNDGYESLCQVVQQDSDR  
HP ALACSPVHTTLSKSDAKKAASKTLEKSQFSQDKPVQDRGLVVTDLKAESVLEHRSYCSA  
.....\*.\* \*\*\*. . . . \*\*\*. . . .  
AT LITIFVIFFIVIPAVSIAVYKVKFADRVIQTESSIRQKGIVKTDINFQEILTEHSK--AS  
HP KARDRHFAGDVLGYVTPWNSHGYDVTKVFGSKFTQISPVWLQ-LKRRGREMFEVTGLHDW  
....\*\*.. \*\*.\*.\* \*\* .. \* . . \* . . . \*.\* . . . \*\*\*. . . \*\*\*.  
AT ENSTRHYDYPVLAYITP--CQGSGL--VLEGR-HNADKGWIQELRSRGNALASKGLPKL  
HP DQGWMRAVRKHAKGHLIVPRLLFEDWTYDDFRNVLDSEDEIEELSKTVVQVAKNQHFDGF  
.... . \* . . . \* . . \*\* .. . . \* . . \* . . . . . . . .  
AT ---YNSCIHFALKRMNFFTLELVNFNTYLVIMFALNS-REMEYNGIVLESWSRWAAYGV  
HP VVEVWNQLLSQKRVGLIHMLTHLAEALHQARLLALLVIPPAITPGTDQLGMFTHKEFEQL  
... . \* . \* . . . . . . . . . . . . \* . \* . . . .  
AT HDPLDLRKMALKFVKQLGDALHSTSSPRNNQQHMQFMYVVGPPRSEKLQMYDFGPEDLQFL  
HP APVLDGFSLMTYDYSTAHQPGPNAPLSWVACVQ-VLDPKSK----WRSKILLGLNFYGM  
\*\*\*\*\*.  
AT KDSVDGFSLMTYDFSNPQNPQPNAPVKWIDLTLKLLGSSNNIDSNIARKVLLGINFYGM  
HP DYATSKDAREPVVGARYIQTLKDHRPRMVWDSQASEHFFEYKKSRSGRHVVFYPTLKSLS

[0 0 5 0]

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA302913）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

[0 0 5 1]

<HP10541> (配列番号 7、17、27)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10541のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、7bpの5'非翻訳領域、591bpのORF、113bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは196アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に推定分泌シグナルが存在した。図7にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量21,553よりやや大きい23kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、分泌シグナルが切断されたと考えられる20kDaと糖鎖が付加されたと考えられる23kDaの産物が生成した。分泌シグナル配列切断部位予測法である(-3、-1)規則を適用すると、成熟蛋白質は41番目のグリシンから始まると予想される。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が1箇所(185番目Asn-Leu-Thr)存在する。

ヒトチモーゲン膜蛋白質 (GenBank アクセション番号 AF056492)

と類似性を有していた。表8に、本発明のヒト蛋白質(HP)とヒトチモーゲン膜蛋白質(ZM)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、。は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。C末端側133アミノ酸残基にわたって、37.6%の相同性を有していた。

【0053】

【表8】

表8

HP MWRVPGTTRRPVTGESPGMHRPEAMLLLLTLALLGGPTWAGKMYGPGGGKYFS-TTEDYD

\*\*.\*\*\*\* \* \* . . . \*

ZM MLTVALLALLCASASGNAIQARSSSYSGEYGSGGGKRFSHSGNQLD

HP HEITGLRVSVGLLLKVSVQVKLGDSWDVKLGALGGNTQEVTLQPGEYITKVFVAFQAFLR

\*\*.\*\*\*\*.\*. . . . . \* . \* . . \* . . \* . \* . \*\*\* . . \* .

ZM GPITALRVRVNTYYIVGLQVRYGKVWSDYVGGRNGDLEEFLHPGESVIQVSGKYKWYLK

HP GMVMYTSKDRYFYFGKLDGQISSAYPSQEGQVLVGIYGQYQLLGIKSIGFEWN-YPLEEP

.\*. \*.\*.\*. \*\*\* .\* .\* \* . . \* \* . \* . \* . \*\*\* . . \*

ZM KLVFVTDKGRYLSFGKDSGTSFNAVPLHPNTVLRFISGRSGSL-IDAIGLHWDVYPTSCS

HP TTEPPVNLTYSANSPVGR

ZM RC

【0054】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA340605）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0055】

&lt;HP10550&gt; (配列番号8、18、28)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10550のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、241bpの5'非翻訳領域、324bpのORF、86bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは107アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図8にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、高分子量の翻訳産物が生成した。

## 【0056】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA348310）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

## 【0057】

<HP10590>（配列番号9、19、29）

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10590のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、77bpの5'非翻訳領域、1053bpのORF、180bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは350アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量39,285とほぼ同じ40kDaの翻訳産物が生成した。この際、ミクロソームを添加すると、糖鎖が付加されたと考えられる43kDaの産物が生成した。なお、この蛋白質のアミノ酸配列の中には、N-グリコシレーションが起こる可能性がある部位が2箇所（144番目Asn-Asn-Ser、328番目Asn-Leu-Thr）存在する。

（イ）本発明のcDNAの塩基配列を有する蛋白質の構造

ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号AA4

61346)が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0059】

<HP10591> (配列番号10、20、30)

ヒトフィブロサルコーマ細胞株HT-1080のcDNAライブラリーから得られたクローニングHP10591のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、232bpの5'非翻訳領域、324bpのORF、844bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは107アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の推定膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,328とほぼ同じ12kDaの翻訳産物が生成した。

【0060】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同意を有するもの（例えば、アクセス番号HO9424）が登録されていたが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0061】

【発明の効果】

本発明は疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしているDNA、このDNAの発現ベクター、およびこのDNAを発現させた真核細胞を提供する。本発明の蛋白質は、いずれも分泌されるかあるいは細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、細胞の増殖や分化の制御に関する制癌剤などの医薬品として、あるいはこの蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、このDNAを用いることにより、この蛋白質を大量に発現することができる。これら遺伝子を導入してこの蛋白質を発現させた細胞は、対応するレセプターやリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに利用で

きる。

【0062】

【配列表】

<110> Sagami Chemical Reserach Center,  
Protegene Inc.

<120> Human proteins having hydrophobic domains and DNAs encoding these  
proteins

<130> S018165

<160> 30

【0063】

<210> 1

<211> 358

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 1

Met Ala Pro Gln Asn Leu Ser Thr Phe Cys Leu Leu Leu Tyr Leu

1 5 10 15

Ile Gly Ala Val Ile Ala Gly Arg Asp Phe Tyr Lys Ile Leu Gly Val

20 25 30

Pro Arg Ser Ala Ser Ile Lys Asp Ile Lys Lys Ala Tyr Arg Lys Leu

35 40 45

Ala Leu Gln Leu His Pro Asp Arg Asn Pro Asp Asp Pro Gln Ala Gln

50 55 60

Glu Lys Phe Gln Asp Leu Gly Ala Ala Tyr Glu Val Leu Ser Asp Ser

65 70 75 80

Glu Lys Arg Lys Gln Tyr Asp Thr Tyr Gly Glu Glu Gly Leu Lys Asp

100 105 110

Phe Gly Phe Met Phe Gly Gly Thr Pro Arg Gln Gln Asp Arg Asn Ile  
 115 120 125  
 Pro Arg Gly Ser Asp Ile Ile Val Asp Leu Glu Val Thr Leu Glu Glu  
 130 135 140  
 Val Tyr Ala Gly Asn Phe Val Glu Val Val Arg Asn Lys Pro Val Ala  
 145 150 155 160  
 Arg Gln Ala Pro Gly Lys Arg Lys Cys Asn Cys Arg Gln Glu Met Arg  
 165 170 175  
 Thr Thr Gln Leu Gly Pro Gly Arg Phe Gln Met Thr Gln Glu Val Val  
 180 185 190  
 Cys Asp Glu Cys Pro Asn Val Lys Leu Val Asn Glu Glu Arg Thr Leu  
 195 200 205  
 Glu Val Glu Ile Glu Pro Gly Val Arg Asp Gly Met Glu Tyr Pro Phe  
 210 215 220  
 Ile Gly Glu Gly Glu Pro His Val Asp Gly Glu Pro Gly Asp Leu Arg  
 225 230 235 240  
 Phe Arg Ile Lys Val Val Lys His Pro Ile Phe Glu Arg Arg Gly Asp  
 245 250 255  
 Asp Leu Tyr Thr Asn Val Thr Ile Ser Leu Val Glu Ser Leu Val Gly  
 260 265 270  
 Phe Glu Met Asp Ile Thr His Leu Asp Gly His Lys Val His Ile Ser  
 275 280 285  
 Arg Asp Lys Ile Thr Arg Pro Gly Ala Lys Leu Trp Lys Lys Gly Glu  
 290 295 300  
 Gly Leu Pro Asn Phe Asp Asn Asn Asn Ile Lys Gly Ser Leu Ile Ile  
 305 310 315 320  
 Thr Phe Asp Val Asp Phe Pro Lys Glu Gln Leu Thr Glu Glu Ala Arg  
 325 330 335  
 Glu Gly Ile Lys Gln Leu Leu Lys Gln Gly Ser Val Gln Lys Val Tyr

340

345

350

Asn Gly Leu Gln Gly Tyr

355

【0064】

&lt;210&gt; 2

&lt;211&gt; 226

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Homo sapience

&lt;400&gt; 2

Met Lys Met Val Ala Pro Trp Thr Arg Phe Tyr Ser Asn Ser Cys Cys

1

5

10

15

Leu Cys Cys His Val Arg Thr Gly Thr Ile Leu Leu Gly Val Trp Tyr

20

25

30

Leu Ile Ile Asn Ala Val Val Leu Leu Ile Leu Leu Ser Ala Leu Ala

35

40

45

Asp Pro Asp Gln Tyr Asn Phe Ser Ser Ser Glu Leu Gly Gly Asp Phe

50

55

60

Glu Phe Met Asp Asp Ala Asn Met Cys Ile Ala Ile Ala Ile Ser Leu

65

70

75

80

Leu Met Ile Leu Ile Cys Ala Met Ala Thr Tyr Gly Ala Tyr Lys Gln

85

90

95

Arg Ala Ala Trp Ile Ile Pro Phe Phe Cys Tyr Gln Ile Phe Asp Phe

100

105

110

Ala Leu Asn Met Leu Val Ala Ile Thr Val Leu Ile Tyr Pro Asn Ser

115

120

125

Ile Gln Glu Tyr Ile Arg Gln Leu Pro Pro Asn Phe Pro Tyr Arg Asp

145

150

155

160

Phe Ile Ser Ile Ile Leu Thr Phe Lys Gly Tyr Leu Ile Ser Cys Val  
 165 170 175

Trp Asn Cys Tyr Arg Tyr Ile Asn Gly Arg Asn Ser Ser Asp Val Leu  
 180 185 190

Val Tyr Val Thr Ser Asn Asp Thr Thr Val Leu Leu Pro Pro Tyr Asp  
 195 200 205

Asp Ala Thr Val Asn Gly Ala Ala Lys Glu Pro Pro Pro Pro Tyr Val  
 210 215 220

Ser Ala

225

【0065】

<210> 3

<211> 195

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 3

Met Arg Leu Leu Leu Leu Leu Val Ala Ala Ser Ala Met Val Arg  
 1 5 10 15

Ser Glu Ala Ser Ala Asn Leu Gly Gly Val Pro Ser Lys Arg Leu Lys  
 20 25 30

Met Gln Tyr Ala Thr Gly Pro Leu Leu Lys Phe Gln Ile Cys Val Ser  
 35 40 45

Xaa Gly Tyr Arg Arg Val Phe Glu Glu Tyr Met Arg Val Ile Ser Gln  
 50 55 60

Arg Tyr Pro Asp Ile Arg Ile Glu Gly Glu Asn Tyr Leu Pro Gln Pro  
 65 70 75 80

Ile Tyr Arg His Ile Ala Ser Phe Leu Ser Val Phe Lys Leu Val Leu  
 85 90 95

Ile Gly Leu Ile Ile Val Gly Lys Asp Pro Phe Ala Phe Phe Gly Met

特平 1 0 - 2 5 4 7 3 6

100 105 110  
Gln Ala Pro Ser Ile Trp Gln Trp Gly Gln Glu Asn Lys Val Tyr Ala  
115 120 125  
Cys Met Met Val Phe Phe Leu Ser Asn Met Ile Glu Asn Gln Cys Met  
130 135 140  
Ser Thr Gly Ala Phe Glu Ile Thr Leu Asn Asp Val Pro Val Trp Ser  
145 150 155 160  
Lys Leu Glu Ser Gly His Leu Pro Ser Met Gln Gln Leu Val Gln Ile  
165 170 175  
Leu Asp Asn Glu Met Lys Leu Asn Val His Met Asp Ser Ile Pro His  
180 185 190  
His Arg Ser  
195  
【0066】

<210> 4  
<211> 339  
<212> PRT  
<213> Homo sapience  
<400> 4  
Met Asn Trp Glu Leu Leu Trp Leu Leu Val Leu Cys Ala Leu Leu  
1 5 10 15  
Leu Leu Leu Val Gln Leu Leu Arg Phe Leu Arg Ala Asp Gly Asp Leu  
20 25 30  
Thr Leu Leu Trp Ala Glu Trp Gln Gly Arg Arg Pro Glu Trp Glu Leu  
35 40 45  
Thr Asp Met Val Val Trp Val Thr Gly Ala Ser Ser Gly Ile Gly Glu

65 70 75 80

Ala Arg Arg Val His Glu Leu Glu Arg Val Lys Arg Arg Cys Leu Glu  
 85 90 95  
 Asn Gly Asn Leu Lys Glu Lys Asp Ile Leu Val Leu Pro Leu Asp Leu  
 100 105 110  
 Thr Asp Thr Gly Ser His Glu Ala Ala Thr Lys Ala Val Leu Gln Glu  
 115 120 125  
 Phe Gly Arg Ile Asp Ile Leu Val Asn Asn Gly Gly Met Ser Gln Arg  
 130 135 140  
 Ser Leu Cys Met Asp Thr Ser Leu Asp Val Tyr Arg Lys Leu Ile Glu  
 145 150 155 160  
 Leu Asn Tyr Leu Gly Thr Val Ser Leu Thr Lys Cys Val Leu Pro His  
 165 170 175  
 Met Ile Glu Arg Lys Gln Gly Lys Ile Val Thr Val Asn Ser Ile Leu  
 180 185 190  
 Gly Ile Ile Ser Val Pro Leu Ser Ile Gly Tyr Cys Ala Ser Lys His  
 195 200 205  
 Ala Leu Arg Gly Phe Phe Asn Gly Leu Arg Thr Glu Leu Ala Thr Tyr  
 210 215 220  
 Pro Gly Ile Ile Val Ser Asn Ile Cys Pro Gly Pro Val Gln Ser Asn  
 225 230 235 240  
 Ile Val Glu Asn Ser Leu Ala Gly Glu Val Thr Lys Thr Ile Gly Asn  
 245 250 255  
 Asn Gly Asp Gln Ser His Lys Met Thr Thr Ser Arg Cys Val Arg Leu  
 260 265 270  
 Met Leu Ile Ser Met Ala Asn Asp Leu Lys Glu Val Trp Ile Ser Glu  
 275 280 285  
 Gln Pro Phe Leu Leu Val Thr Tyr Leu Trp Gln Tyr Met Pro Thr Trp  
 290 295 300  
 Ala Trp Trp Ile Thr Asn Lys Met Gly Lys Lys Arg Ile Glu Asn Phe

305	310	315	320
Lys Ser Gly Val Asp Ala Asp Ser Ser Tyr Phe Lys Ile Phe Lys Thr			
325	330		335
Lys His Asp			

[0067]

<210> 5			
<211> 487			
<212> PRT			
<213> Homo sapience			
<400> 5			
Met Asp Gly Thr Glu Thr Arg Gln Arg Arg Leu Asp Ser Cys Gly Lys			
1	5	10	15
Pro Gly Glu Leu Gly Leu Pro His Pro Leu Ser Thr Gly Gly Leu Pro			
20	25		30
Val Ala Ser Glu Asp Gly Ala Leu Arg Ala Pro Glu Ser Gln Ser Val			
35	40	45	
Thr Pro Lys Pro Leu Glu Thr Glu Pro Ser Arg Glu Thr Ala Trp Ser			
50	55	60	
Ile Gly Leu Gln Val Thr Val Pro Phe Met Phe Ala Gly Leu Gly Leu			
65	70	75	80
Ser Trp Ala Gly Met Leu Leu Asp Tyr Phe Gln His Trp Pro Val Phe			
85	90	95	
Val Glu Val Lys Asp Leu Leu Thr Leu Val Pro Pro Leu Val Gly Leu			
100	105	110	
Lys Gly Asn Leu Glu Met Thr Leu Ala Ser Arg Leu Ser Thr Ala Ala			
130	135	140	

Ser Asn Leu Ala Leu Ile Gln Val Gln Ala Thr Val Val Gly Leu Leu  
 145 150 155 160  
 Ala Ala Val Ala Ala Leu Leu Leu Gly Val Val Ser Arg Glu Glu Val  
 165 170 175  
 Asp Val Ala Lys Val Glu Leu Leu Cys Ala Ser Ser Val Leu Thr Ala  
 180 185 190  
 Phe Leu Ala Ala Phe Ala Leu Gly Val Leu Met Val Cys Ile Val Ile  
 195 200 205  
 Gly Ala Arg Lys Leu Gly Val Asn Pro Asp Asn Ile Ala Thr Pro Ile  
 210 215 220  
 Ala Ala Ser Leu Gly Asp Leu Ile Thr Leu Ser Ile Leu Ala Leu Val  
 225 230 235 240  
 Ser Ser Phe Phe Tyr Arg His Lys Asp Ser Arg Tyr Leu Thr Pro Leu  
 245 250 255  
 Val Cys Leu Ser Phe Ala Ala Leu Thr Pro Val Trp Val Leu Ile Ala  
 260 265 270  
 Lys Gln Ser Pro Pro Ile Val Lys Ile Leu Lys Phe Gly Trp Phe Pro  
 275 280 285  
 Ile Ile Leu Ala Met Val Ile Ser Ser Phe Gly Gly Leu Ile Leu Ser  
 290 295 300  
 Lys Thr Val Ser Lys Gln Gln Tyr Lys Gly Met Ala Ile Phe Thr Pro  
 305 310 315 320  
 Val Ile Cys Gly Val Gly Gly Asn Leu Val Ala Ile Gln Thr Ser Arg  
 325 330 335  
 Ile Ser Thr Tyr Leu His Met Trp Ser Ala Pro Gly Val Leu Pro Leu  
 340 345 350  
 Gln Met Lys Lys Phe Trp Pro Asn Pro Cys Ser Thr Phe Cys Thr Ser  
 355 360 365  
 Glu Ile Asn Ser Met Ser Ala Arg Val Leu Leu Leu Val Val Pro

370	375	380
Gly His Leu Ile Phe Phe Tyr Ile Ile Tyr Leu Val Glu Gly Gln Ser		
385	390	395
Val Ile Asn Ser Gln Thr Phe Val Val Leu Tyr Leu Leu Ala Gly Leu		
405	410	415
Ile Gln Val Thr Ile Leu Leu Tyr Leu Ala Glu Val Met Val Arg Leu		
420	425	430
Thr Trp His Gln Ala Leu Asp Pro Asp Asn His Cys Ile Pro Tyr Leu		
435	440	445
Thr Gly Leu Gly Asp Leu Leu Gly Thr Gly Leu Leu Ala Leu Cys Phe		
450	455	460
Phe Thr Asp Trp Leu Leu Lys Ser Lys Ala Glu Leu Gly Gly Ile Ser		
465	470	475
Glu Leu Ala Ser Gly Pro Pro		
485		

【0068】

<210> 6  
 <211> 393  
 <212> PRT  
 <213> Homo sapience  
 <400> 6

1	5	10	15
Met Arg Thr Leu Phe Asn Leu Leu Trp Leu Ala Leu Ala Cys Ser Pro			
20	25	30	
Val His Thr Thr Leu Ser Lys Ser Asp Ala Lys Lys Ala Ala Ser Lys			
Thr Leu Leu Glu Lys Ser Gln Phe Ser Asp Lys Pro Val Gln Asp Arg			

Arg Ser Tyr Cys Ser Ala Lys Ala Arg Asp Arg His Phe Ala Gly Asp  
 65 70 75 80  
 Val Leu Gly Tyr Val Thr Pro Trp Asn Ser His Gly Tyr Asp Val Thr  
 85 90 95  
 Lys Val Phe Gly Ser Lys Phe Thr Gln Ile Ser Pro Val Trp Leu Gln  
 100 105 110  
 Leu Lys Arg Arg Gly Arg Glu Met Phe Glu Val Thr Gly Leu His Asp  
 115 120 125  
 Val Asp Gln Gly Trp Met Arg Ala Val Arg Lys His Ala Lys Gly Leu  
 130 135 140  
 His Ile Val Pro Arg Leu Leu Phe Glu Asp Trp Thr Tyr Asp Asp Phe  
 145 150 155 160  
 Arg Asn Val Leu Asp Ser Glu Asp Glu Ile Glu Glu Leu Ser Lys Thr  
 165 170 175  
 Val Val Gln Val Ala Lys Asn Gln His Phe Asp Gly Phe Val Val Glu  
 180 185 190  
 Val Trp Asn Gln Leu Leu Ser Gln Lys Arg Val Gly Leu Ile His Met  
 195 200 205  
 Leu Thr His Leu Ala Glu Ala Leu His Gln Ala Arg Leu Leu Ala Leu  
 210 215 220  
 Leu Val Ile Pro Pro Ala Ile Thr Pro Gly Thr Asp Gln Leu Gly Met  
 225 230 235 240  
 Phe Thr His Lys Glu Phe Glu Gln Leu Ala Pro Val Leu Asp Gly Phe  
 245 250 255  
 Ser Leu Met Thr Tyr Asp Tyr Ser Thr Ala His Gln Pro Gly Pro Asn  
 260 265 270  
 Ala Pro Leu Ser Trp Val Arg Ala Cys Val Gln Val Leu Asp Pro Lys  
 275 280 285  
 Ser Lys Trp Arg Ser Lys Ile Leu Leu Gly Leu Asn Phe Tyr Gly Met

290	295	300	
Asp Tyr Ala Thr Ser Lys Asp Ala Arg Glu Pro Val Val Gly Ala Arg			
305	310	315	320
Tyr Ile Gln Thr Leu Lys Asp His Arg Pro Arg Met Val Trp Asp Ser			
325	330	335	
Gln Ala Ser Glu His Phe Phe Glu Tyr Lys Lys Ser Arg Ser Gly Arg			
340	345	350	
His Val Val Phe Tyr Pro Thr Leu Lys Ser Leu Gln Val Arg Leu Glu			
355	360	365	
Leu Ala Arg Glu Leu Gly Val Gly Val Ser Ile Trp Glu Leu Gly Gln			
370	375	380	
Gly Leu Asp Tyr Phe Tyr Asp Leu Leu			
385	390		
【0069】			
<210> 7			
<211> 196			
<212> PRT			
<213> Homo sapience			
<400> 7			
Met Trp Arg Val Pro Gly Thr Thr Arg Arg Pro Val Thr Gly Glu Ser			
1	5	10	15
Pro Gly Met His Arg Pro Glu Ala Met Leu Leu Leu Thr Leu Ala			
20	25	30	
Leu Leu Gly Gly Pro Thr Trp Ala Gly Lys Met Tyr Gly Pro Gly Gly			
35	40	45	
Gly Lys Tyr Phe Ser Thr Thr Glu Asp Tyr Asp His Glu Ile Thr Gly			

65	70	75	80
----	----	----	----

Leu Gly Asp Ser Trp Asp Val Lys Leu Gly Ala Leu Gly Gly Asn Thr  
 85 90 95

Gln Glu Val Thr Leu Gln Pro Gly Glu Tyr Ile Thr Lys Val Phe Val  
 100 105 110

Ala Phe Gln Ala Phe Leu Arg Gly Met Val Met Tyr Thr Ser Lys Asp  
 115 120 125

Arg Tyr Phe Tyr Phe Gly Lys Leu Asp Gly Gln Ile Ser Ser Ala Tyr  
 130 135 140

Pro Ser Gln Glu Gly Gln Val Leu Val Gly Ile Tyr Gly Gln Tyr Gln  
 145 150 155 160

Leu Leu Gly Ile Lys Ser Ile Gly Phe Glu Trp Asn Tyr Pro Leu Glu  
 165 170 175

Glu Pro Thr Thr Glu Pro Pro Val Asn Leu Thr Tyr Ser Ala Asn Ser  
 180 185 190

Pro Val Gly Arg  
 195

【0070】

<210> 8

<211> 107

<212> PRT

<213> Homo sapience

<400> 8

Met Glu Gln Lys Leu Val Glu Glu Ile Leu Gln Ala Ile Thr Met Ser  
 1 5 10 15

Thr Asp Thr Gly Val Ser Leu Pro Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Gly Ser  
 20 25 30

Lys Leu Ile Arg Lys Ala Lys Glu Ala Pro Phe Val Pro Val Gly Ile  
 35 40 45

Ala Gly Phe Ala Ala Ile Val Ala Tyr Gly Leu Tyr Lys Leu Lys Ser

50

55

60

Arg Gly Asn Thr Lys Met Ser Ile His Leu Ile His Met Arg Val Ala

65

70

75

80

Ala Glu Gly Phe Val Val Gly Ala Met Thr Val Gly Met Gly Tyr Ser

85

90

95

Met Tyr Arg Glu Phe Trp Ala Lys Pro Lys Pro

100

105

【0071】

&lt;210&gt; 9

&lt;211&gt; 350

&lt;212&gt; PRT

&lt;213&gt; Homo sapience

&lt;400&gt; 9

Met Ser Glu Val Lys Ser Arg Lys Lys Ser Gly Pro Lys Gly Ala Pro

1

5

10

15

Ala Ala Glu Pro Gly Lys Arg Ser Glu Gly Gly Lys Thr Pro Val Ala

20

25

30

Arg Ser Ser Gly Gly Gly Trp Ala Asp Pro Arg Thr Cys Leu Ser

35

40

45

Leu Leu Ser Leu Gly Thr Cys Leu Gly Leu Ala Trp Phe Val Phe Gln

50

55

60

Gln Ser Glu Lys Phe Ala Lys Val Glu Asn Gln Tyr Gln Leu Leu Lys

65

70

75

80

Leu Glu Thr Asn Glu Phe Gln Gln Leu Gln Ser Lys Ile Ser Leu Ile

85

90

95

Ser Glu Lys Trp Gln Lys Ser Glu Ala Ile Met Glu Gln Leu Lys Ser

115

120

125

Val Lys Thr Trp Ser Asn Arg Ile Thr Glu Lys Gln Asp Ile Leu Asn  
 130 135 140  
 Asn Ser Leu Thr Thr Leu Ser Gln Asp Ile Thr Lys Val Asp Gln Ser  
 145 150 155 160  
 Thr Thr Ser Met Ala Lys Asp Val Gly Leu Lys Ile Thr Ser Val Lys  
 165 170 175  
 Thr Asp Ile Arg Arg Ile Ser Gly Leu Val Thr Asp Val Ile Ser Leu  
 180 185 190  
 Thr Asp Ser Val Gln Glu Leu Glu Asn Lys Ile Glu Lys Val Glu Lys  
 195 200 205  
 Asn Thr Val Lys Asn Ile Gly Asp Leu Leu Ser Ser Ser Ile Asp Arg  
 210 215 220  
 Thr Ala Thr Leu Arg Lys Thr Ala Ser Glu Asn Ser Gln Arg Ile Asn  
 225 230 235 240  
 Ser Val Lys Lys Thr Leu Thr Glu Leu Lys Ser Asp Phe Asp Lys His  
 245 250 255  
 Thr Asp Arg Phe Leu Ser Leu Glu Gly Asp Arg Ala Lys Val Leu Lys  
 260 265 270  
 Thr Val Thr Phe Ala Asn Asp Leu Lys Pro Lys Val Tyr Asn Leu Lys  
 275 280 285  
 Lys Asp Phe Ser Arg Leu Glu Pro Leu Val Asn Asp Leu Thr Leu Arg  
 290 295 300  
 Ile Gly Arg Leu Val Thr Asp Leu Leu Gln Arg Glu Lys Glu Ile Ala  
 305 310 315 320  
 Phe Leu Ser Glu Lys Ile Ser Asn Leu Thr Ile Val Gln Ala Glu Ile  
 325 330 335  
 Lys Asp Ile Lys Asp Glu Ile Ala His Ile Ser Asp Met Asn  
 340 345 350

【0072】



gagaaaacgga aacagtacga tacttaggt gaagaaggat taaaagatgg tcatcagagc	300
tcccatggag acatttttc acacttctt ggggattttg gtttcatgtt tggaggaacc	360
cctcgtcagc aagacagaaa tattccaaga ggaagtgata ttatgtaga tctagaagtc	420
acttttggaaag aagtatatgc aggaaatttt gtggaagttag ttagaaacaa acctgtggca	480
aggcaggcgc ctggcaaacg gaagtgcata tgcggcaag agatcggac cacccagctg	540
ggccctggc gcttccaaat gacccaggag gtggctcgac acgaatgccc taatgtcaaa	600
ctagtgaatg aagaacgaac gctggaagta gaaatagagc ctgggtgag agacggcatg	660
gagtaccctt ttattggaga aggtgagcct cacgtggatg gggagcctgg agatttacgg	720
ttccgaatca aagttgtcaa gcacccaata ttgaaagga gaggagatga ttgtacaca	780
aatgtgacaa tctcattagt tgagtcactg gttggcttgc agatggatat tactcaattg	840
gatggtcaca aggtacatat ttccggat aagatcacca ggccaggagc gaagctatgg	900
aagaaagggg aagggtccc caacttgcac aacaacaata tcaaggcgc tttgataatc	960
acttttgcgtt tggattttcc aaaagaacag ttaacagagg aagcgagaga aggtatcaaa	1020
cagctactga aacaagggtc agtgcagaag gtatacaatg gactgcaagg atat	1074

【0074】

<210> 12

<211> 678

<212> DNA

<213> Homo Sapience

<400> 12

atgaagaatgg tcgcgcctg gacgcggttc tactccaaca gctgctgctt gtgctgccat	60
gtccgcaccc gcaccatcct gctcggcgtc tggtatctga tcatcaatgc tgggtactg	120
ttgattttat tgagtgcctt ggctgatccg gatcgtata actttcaag ttctgaactg	180
ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc aacatgtgca ttgcattgc gatttcttt	240
ctcatgatcc tcatatgtgc tatggctact tacggagcgt acaagcaacg cgcagcctgg	300
atcatccat tcttctgtta ccagatctt gactttgccc tgaacatgtt ggttgcata	360
actgtgccta ttatccaaa ctccattcag gaatacatac ggcaactgcc tcctaatttt	420
ccctacagag atgatgtcat gtcagtgaaat cctacctgtt tggtccttat tattcttctg	480
tttatttagca ttatcttgcac tttaagggt tacttgatata gctgtgtttg gaactgctac	540

cgatacatca atgtaggaa ctcctctgat gtcctgggtt atgttaccag caatgacact 600  
 acgggtgcgc taccccgta tggatgtgcc actgtgaatg gtgctgccaa ggagccaccg 660  
 ccaccttacg tgcgtgcc 678

[0075]

<210> 13

<211> 585

<212> DNA

<213> Homo Sapience

<400> 13

atgaggcgtc tgctgcttct cctagtgccg gcgtctgcga tggtccggag cgaggcctcg 60  
 gccaatctgg gcggcggtgcc cagcaagaga taaaagaagc agiacgcac ggggcccgtg 120  
 ctcaagttcc agatttgtt ttcctgaggt tataggcggg tgggggagga gtacatgcgg 180  
 gttatttagcc agcggtaccc agacatccgc attgaaggag agaattaccc ccctcaacca 240  
 atatataagac acatagcatc ttccctgtca gtcgttcaaac tagtattaat aggcttaata 300  
 attgttggca aggttccctt tgctttctt ggcatttgcag ctccttagcat ctggcagtgg 360  
 ggccaaagaaa ataagggtta tgcatttgcatg atggttttct tcttgcggaa catgatttgc 420  
 aaccagggtta tgcatttgcatg atggttttct tcttgcggaa catgatttgc 480  
 aagcttggaaat ctggtcaccc tccatccatg caacaacttg ttccaaattct tgacaatgaa 540  
 atgaagctca atgtgcataat ggattcaatc ccacaccatc gatca 585

[0076]

<210> 14

<211> 1017

<212> DNA

<213> Homo Sapience

<400> 14

atgaactggg agctgctgct gtggctgctg gtgtgtgcg cgctgctcct gctcttggtg 60

ggaaugacggc cagaatggga gtcgtgtgtc atgggggggc gggugacugg agccccggac 240  
 ggaatttggtg aggagctggc ttaccagttt tctaaacttag gagtttctct tgcgtgtca

gccagaagag tgcgtgact ggaaagggtg aaaagaagat gcctagagaa tggcaattta 300  
 aaagaaaaag atatacttgt ttgcctt gacctgaccg acactggttc ccatgaagcg 360  
 gctaccaaag ctgttctcca ggagtttgtt agaatcgaca ttctggtaaa caatggtgaa 420  
 atgtcccagc gttctctgtg catggatacc agcttggatg tctacagaaa gctaatagag 480  
 cttaactact tagggacggt gtccttgaca aaatgtttc tgcctcacat gatcgagagg 540  
 aagcaaggaa agattgttac tgtgaatagc atcctggta tcatactgt acctcttcc 600  
 attggatact gtgcttagcaa gcatgcctc cggggtttt ttaatggcct tcgaacagaa 660  
 ctgccacat acccaggtat aatagttct aacatttgcc caggacctgt gcaatcaa 720  
 attgtggaga attcccttagc tggagaagtc acaaagacta taggcaataa tggagaccag 780  
 tccccacaaga tgacaaccag tcgttggatg cggctgtatgt taatcagcat gccaatgtat 840  
 ttgaaagaag ttggatctc agaacaacct ttcttgtag taacatattt gtggcaatac 900  
 atgccaacct gggctggatg gataaccaac aagatgggaa agaaaaggat tgagaacttt 960  
 aagagtggatg tggatgcaga ctcttctt ttaaaatct ttaagacaaa acatgac 1017

【0077】

<210> 15  
 <211> 1461  
 <212> DNA  
 <213> Homo Sapience

&lt;400&gt; 15

atggatggga cagagaccccg gcagcggagg ctggacagct gtggcaagcc aggggagctg 60  
 gggcttcctc accccctcag cacaggagga ctccctgttag cctcagaaga tggagctctc 120  
 agggccctcg agagccaaag cgtgacccccc aagccactgg agactgagcc tagcagggag 180  
 accgccttgtt ccataggcct tcaggtgacc gtgccttca tggatgtcagg cctggactg 240  
 tcctggcccg gcatgcttct ggactatttc cagcactggc ctgtgttgtt ggaggtgaaa 300  
 gaccttttga cattggtgcc gcccctggatg ggcctgaagg ggaacctgga gatgacactg 360  
 gcatccagac tctccacagc tgccaaact ggacaaattt atgacccca ggagcagcac 420  
 agagtcatca gcagcaacct ggccctcatc caggtgcagg ccactgtcgt ggggctctt 480  
 gctgctgtgg ctgcgtgtt gttggcggtg gtgtctcgag aggaagtggaa tggatgtt 540  
 gtggagttgc tggatgttccag cagtgtcctc actgccttcc tggatgttcc tggatgtt 600

gtgctgatgg tctgtatagt gattggcgct cggaaagctcg gggtaacccc agacaacatt 660  
 gccacgcccc ttgcagccag cctgggagac ctcacacac tgtccattct ggcttggtt 720  
 agcagctct tctacagaca caaagatagt cggatctga cggccgttgt ctgcctcagc 780  
 tttgcggctc tgacccagt gtgggtcctc attgccaagc agagcccacc catcgtaag 840  
 atcctgaagt ttggctggtt cccaatcatc ctggccatgg tcatcagcag tttcgagga 900  
 ctcatcttga gcaaaaccgt ttctaaacag cagtaaaag gcatggcgat atttacccc 960  
 gtcataatgtg gtgttggtgg caatctggtg gccattcaga ccagccgaat ctcaacctac 1020  
 ctgcacatgt ggagtgcacc tggcgtcctg cccctccaga tgaagaaatt ctggcccaac 1080  
 ccgtgttcta cttctgcac gtcagaaatc aattccatgt cagctcgagt cctgctttg 1140  
 ctggtggtcc caggccatct gattttcttacatcatct acctggtgga gggtcagtc 1200  
 gtcataaaaca gccagacacct tgggtgcctc taccctgggg cagggcgtat ccagggtgaca 1260  
 atcctgctgt acctggcaga agtgcattttt cggctgactt ggcaccaggc cctggatct 1320  
 gacaaccact gcatccccta cttacaggg ctgggggacc tgctcggtac tggcctcctg 1380  
 gcactctgct ttttcaactga ctggctactg aagagcaagg cagagctggg tggcatctca 1440  
 gaactggcat ctggacacctcc c 1461

[0078]

<210> 16

<211> 1179

<212> DNA

<213> Homo Sapience

<400> 16

atgcggacac tcttcaacct cctctggctt gccctggctt gcagccctgt tcacactacc 60  
 ctgtcaaagt cagatgccaa aaaagccgcc tcaaagacgc tgctggagaa gagtcagttt 120  
 tcagataagc cggtgcaaga ccggggttt gttgggtacgg acctcaaagc tgagagtgt 180  
 gttttgagc atcgcagcta ctgcctggca aaggccccggg acagacactt tgctggggat 240  
 gtactggct atgcacttcc atggaaacagc catggctacg atgtcaccaa ggtctttggg 300

ttggaggatca cgggccttca cgaugtggac cttgggtggc tttgggtttttt caggddgac  
 gccaaggggcc tgcacatgt gcctcggttc ctgtttgggg actggactta cgtatgtttc 480

cggaacgtct tagacagtga gnatgagata gaggagciga gcaagaccgt ggtccaggtg	540
gcaaagaacc agcatttcga tggcttcgtg gttggaggctt ggaaccagct gctaagccag	600
aagcgcgtgg gcctcatcca catgctcacc cacttggccg aggctctgca ccaggcccg	660
ctgctggccc tcctggtcat cccgcctgcc atcaccccg ggaccgacca gctgggcatt	720
ttcacgcaca aggagtttga gcagctggcc cccgtgctgg atggttttag cctcatgacc	780
tacgactact ctacagcgca tcagcctggc cctaattgcac ccctgtcctg gtttcgagcc	840
tgcgtccagg tcctggaccc gaagtccaag tggcgaagca aaatccctt ggggctcaac	900
ttctatggta tggactacgc gacctccaag gatgcccgtg agcctgttgt cggggccagg	960
tacatccaga cactgaagga ccacaggccc cggatggtgt gggacagcca ggcctcagag	1020
cacttcttcg agtacaagaa gagccgcagt gggaggcact tcgtttctta cccaaacctg	1080
aagtccctgc aggtgcggct ggagctggcc cgggagctgg gcgttgggt ctctatctgg	1140
gagctgggcc agggcctgga ctacttctac gacctgctc	1179

[0079]

&lt;210&gt; 17

&lt;211&gt; 588

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Homo Sapience

&lt;400&gt; 17

atgtggaggg tgcccgac aaccagacgc ccagtcacag gcgagagccc tgggatgcac	60
cggccagagg ccatgctgct gctgctcact cttgcctcc tggggggccc cacctggca	120
ggaaagatgt atggccctgg aggaggcaag tatttcagca ccactgaaga ctacgaccat	180
gaaatcacag ggctgcgggt gtctgttaggt cttctctgg tgaaaagtgt ccaggtgaaa	240
cttggagact cctgggacgt gaaactggga gccttaggtg ggaataccca ggaagtccacc	300
ctgcagccag gcgaatacat cacaaaagtc tttgtcgcc tccaaagctt cctccgggt	360
atggtcatgt acaccagcaa ggaccgctat ttctattttg ggaagcttga tggccagatc	420
tcctctgcct accccagcca agagggcag gtgctggtgg gcatctatgg ccagtatcaa	480
ctccttggca tcaagagcat tggcttggaa tggattatc cactagagga gccgaccact	540
gagccaccag ttaatctcac atactcagca aactcaccgg tgggtcgc	588

[0080]

<210> 18

<211> 321

<212> DNA

213 Homo Sapience

<400> 18

[0081]

<210> 19

<211> 1050

<212> DNA

<213> Homo Sapience

<400> 19

atgtctgagg tgaagagccg gaagaagtgcg gggcccaagg gagccctgc tgcgagccc 60  
gggaagcgg a gcgagggcgg gaagaccccc gtggcccgga gcagcggagg cggggctgg 120  
gcagaccccc gaacgtgcct gagcctgctg tcgctggga cgtgcctgg cctggcctgg 180  
tttgtatttc agcagtcaga aaaatttgc aagggtggaaa accaataccca gttactgaaa 240  
ctagaaacca atgaattcca acaacttcaa agtaaaatca gtttaatttc agaaaagtgg 300  
cagaaaatctg aagctatcat ggaacaattg aagtctttc aaataattgc tcatactaaag 360  
cgtctacagg aagaaattaa tgaggtaaaa acttggtcca ataggataac tgaaaaacag 420  
gatatactga acaacagtct gacgacgctt tctcaagaca ttacaaaagt agaccaaagt 480  
acaacttcca tggcaaaaga tggttggtctc aagattacaa gtgtaaaaac agatatacga 540

az utáradalag agadaglaga addadatokat adataadva a magyarságnak.

agtattgtac gaacagcaac gctccgaaag acagcatctg aaaattcaca aagaattaaac 720

tctgttaaga agacgctaac cgaactaaag agtgacttcg acaaacatac agatagattt 780  
 ctaagcttag aaggtgacag agccaaagtt ctgaagacag tgactttgc aaatgatcta 840  
 aaaccaaagg tgtataatct aaagaaggac tttcccggt tagaaccatt agtaaatgat 900  
 ttaacactac gcattggag attggttacc gacttactac aaagagagaa agaaattgct 960  
 ttcttaagt aaaaaatatc taatttaaca atagtccaa ctgagattaa ggatattaaa 1020  
 gatgaaatag cacacatttc agatatgaat 1050

## 【0082】

&lt;210&gt; 20

&lt;211&gt; 321

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Homo Sapience

&lt;400&gt; 20

atgtcctcag caggcacagc aaccctctg gaaatggatc acaaactcac ttctcagcca 60  
 ggcaggccaa gcttctattg taacagttagg cacagtatac tcggatcatc acatcagctg 120  
 ggtttttgtt ttagtcatct agagtcgtct ggactaaagg tcttcaggt ctccttgccc 180  
 tgtgagtgcg tgaacctccc caccgaatt gcctcagttt tcctgaggcct catgtcttc 240  
 ctggtggtgg gccaggcccc tgcattggaa gggagcctgc tgcggggcag gccagctggg 300  
 ggtgctcacc tatgcgcagc a 321

## 【0083】

&lt;210&gt; 21

&lt;211&gt; 1619

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Homo Sapience

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (158)...(1234)

&lt;400&gt; 21

agaagagggg gctagctagc tgtctctgcg gaccagggag acccccgcgc ccccccggtg 60  
 tgaggcggcc tcacagggcc gggtgggctg gcgagccgac gcggcggcgg aggaggctgt 120

gaggagtggtg	tggaacagga	ccgggacag	aggaacc	atg	gct	ccg	cag	aac	ctg	175
Met Ala Pro Gln Asn Leu										
					1				5	
agc acc ttt	tgc ctg	ttg cta	tac ctc	atc	ggg	gcg	gtg	att	gcc	223
Ser Thr Phe	Cys Leu	Leu Leu	Leu Tyr	Leu Ile	Gly Ala	Val Ile	Ala			
					10	15		20		
gga cga gat	ttc tat	aag atc	ttg ggg	gtg cct	cga agt	gcc tct	ata			271
Gly Arg Asp	Phe Tyr	Lys Ile	Leu Gly	Val Pro	Arg Ser	Ala Ser	Ile			
					25	30		35		
aag gat att	aaa aag	gcc tat	agg aaa	cta gcc	ctg cag	ctt cat	ccc			319
Lys Asp Ile	Lys Lys	Ala Tyr	Arg Lys	Leu Ala	Leu Gln	Leu His	Pro			
					40	45		50		
gac cgg aac	cct gat	gat cca	caa gcc	cag gag	aaa ttc	cag gat	ctg			367
Asp Arg Asn	Pro Asp	Asp Pro	Gln Ala	Gln Glu	Lys Phe	Gln Asp	Leu			
					55	60		65		70
ggt gct gct	tat gag	gtt ctg	tca gat	agt gag	aaa cgg	aaa cag	tac			415
Gly Ala Ala	Tyr Glu	Val Leu	Ser Asp	Ser Glu	Lys Arg	Lys Gln	Tyr			
					75	80		85		
gat act tat	ggt gaa	gaa gga	tta aaa	gat ggt	cat cag	agc tcc	cat			463
Asp Thr Tyr	Gly Glu	Glu Gly	Leu Lys	Asp Gly	His Gln	Ser Ser	His			
					90	95		100		
gga gac att	ttt tca	cac ttc	ttt ggg	gat ttt	ggt ttc	atg ttt	gga			511
Gly Asp Ile	Phe Ser	His Phe	Phe Gly	Asp Phe	Gly Phe	Met Phe	Gly			
					105	110		115		
gga acc cct	cgt cag	caa gac	aga aat	att cca	aga gga	agt gat	att			559
Gly Thr Pro	Arg Gln	Gln Asp	Arg Asn	Ile Pro	Arg Gly	Ser Asp	Ile			

Ile Val Asp Leu Glu Val Thr Leu Glu Glu Val Tyr Ala Gly Asn Phe

135	140	145	150	
gtg gaa gta gtt aga aac aaa cct gtg gca agg cag gct cct ggc aaa				655
Val Glu Val Val Arg Asn Lys Pro Val Ala Arg Gln Ala Pro Gly Lys				
155	160	165		
cgg aag tgc aat tgt cgg caa gag atg cgg acc acc cag ctg ggc cct				703
Arg Lys Cys Asn Cys Arg Gln Glu Met Arg Thr Thr Gln Leu Gly Pro				
170	175	180		
ggg cgc ttc caa atg acc cag gag gtg gtc tgc gac gaa tgc cct aat				751
Gly Arg Phe Gln Met Thr Gln Glu Val Val Cys Asp Glu Cys Pro Asn				
185	190	195		
gtc aaa cta gtg aat gaa gaa cga acg ctg gaa gta gaa ata gag cct				799
Val Lys Leu Val Asn Glu Glu Arg Thr Leu Glu Val Glu Ile Glu Pro				
200	205	210		
ggg gtg aga gac ggc atg gag tac ccc ttt att gga gaa ggt gag cct				847
Gly Val Arg Asp Gly Met Glu Tyr Pro Phe Ile Gly Glu Gly Glu Pro				
215	220	225	230	
cac gtg gat ggg gag cct gga gat tta cgg ttc cga atc aaa gtt gtc				895
His Val Asp Gly Glu Pro Gly Asp Leu Arg Phe Arg Ile Lys Val Val				
235	240	245		
aag cac cca ata ttt gaa agg aga gga gat gat ttg tac aca aat gtg				943
Lys His Pro Ile Phe Glu Arg Arg Gly Asp Asp Leu Tyr Thr Asn Val				
250	255	260		
aca atc tca tta gtt gag tca ctg gtt ggc ttt gag atg gat att act				991
Thr Ile Ser Leu Val Glu Ser Leu Val Gly Phe Glu Met Asp Ile Thr				
265	270	275		
cac ttg gat ggt cac aag gta cat att tcc cgg gat aag atc acc agg				1039
His Leu Asp Gly His Lys Val His Ile Ser Arg Asp Lys Ile Thr Arg				
280	285	290		
cca gga gcg aag cta tgg aag aaa ggg gaa ggg ctc ccc aac ttt gac				1087

Pro Gly Ala Lys Leu Trp Lys Lys Gly Glu Gly Leu Pro Asn Phe Asp  
 295 300 305 310  
 aac aac aat atc aag ggc tct ttg ata atc act ttt gat gtg gat ttt 1135  
 Asn Asn Asn Ile Lys Gly Ser Leu Ile Ile Thr Phe Asp Val Asp Phe  
 315 320 325  
 cca aaa gaa cag tta aca gag gaa gcg aga gaa ggt atc aaa cag cta 1183  
 Pro Lys Glu Gln Leu Thr Glu Glu Ala Arg Glu Gly Ile Lys Gln Leu  
 330 335 340  
 ctg aaa caa ggg tca gtg cag aag gta tac aat gga ctg caa gga tat 1231  
 Leu Lys Gln Gly Ser Val Gln Lys Val Tyr Asn Gly Leu Gln Gly Tyr  
 345 350 355  
 tgagagtga ataaaattgg actttgtta aaataagtga ataagcgata tttattatct 1290  
 gcaagggttt tttgtgtgt tttttttt tattttcaat atgcaagttt ggcttaattt 1350  
 ttttatctaa tgcatcatcat gaaatgaata agagggctta agaattttgc catttgcatt 1410  
 cggaaaagaa tgaccagcaa aagggttact aatacccttc ccttgggaa tttaatgtct 1470  
 ggtgctgccg cctgagtttc aagaattaaa gctgcaagag gactccagga gcaaaagaaa 1530  
 cacaatatacg agggttggag ttgttagcaa tttcattcaa aatgccaact ggagaagtct 1590  
 gtttttaat acatttgtt gttattttt 1619

【0084】

<210> 22  
 <211> 2054  
 <212> DNA  
 <213> Homo Sapience  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (254)...(934)

caatggccaa ggtttttttt tttttttt tttttttt tttttttt tttttttt tttttttt  
 agcgaagggtt accgaccggc cagaagctcg gagctctcg ggtatcgagg aggcaggccc 120

gcgggcgcac gggcgagcgg gccgggagcc ggagcggcgg aggagccggc agcagcggcg 180  
 cggcgggctc caggcgaggc ggtcgacgct cctgaaaact tgcggcgcg ctcgcgccac 240  
 tgcgccccga gcg atg aag atg gtc gcg ccc tgg acg cgg ttc tac tcc 289  
 Met Lys Met Val Ala Pro Trp Thr Arg Phe Tyr Ser  
 1 5 10  
 aac agc tgc tgc ttg tgc tgc cat gtc cgc acc ggc acc atc ctg ctc 337  
 Asn Ser Cys Cys Leu Cys Cys His Val Arg Thr Gly Thr Ile Leu Leu  
 15 20 25  
 ggc gtc tgg tat ctg atc atc aat gct gtc gta ctg ttg att tta ttg 385  
 Gly Val Trp Tyr Leu Ile Ile Asn Ala Val Val Leu Leu Ile Leu Leu  
 30 35 40  
 agt gcc ctg gct gat ccg gat cag tat aac ttt tca agt tct gaa ctg 433  
 Ser Ala Leu Ala Asp Pro Asp Gln Tyr Asn Phe Ser Ser Ser Glu Leu  
 45 50 55 60  
 gga ggt gac ttt gag ttc atg gat gat gcc aac atg tgc att gcc att 481  
 Gly Gly Asp Phe Glu Phe Met Asp Asp Ala Asn Met Cys Ile Ala Ile  
 65 70 75  
 gcg att tct ctt ctc atg atc ctg ata tgt gct atg gct act tac gga 529  
 Ala Ile Ser Leu Leu Met Ile Leu Ile Cys Ala Met Ala Thr Tyr Gly  
 80 85 90  
 gcg tac aag caa cgc gca gcc tgg atc atc cca ttc ttc tgt tac cag 577  
 Ala Tyr Lys Gln Arg Ala Ala Trp Ile Ile Pro Phe Phe Cys Tyr Gln  
 95 100 105  
 atc ttt gac ttt gcc ctg aac atg ttg gtt gca atc act gtg ctt att 625  
 Ile Phe Asp Phe Ala Leu Asn Met Leu Val Ala Ile Thr Val Leu Ile  
 110 115 120  
 tat cca aac tcc att cag gaa tac ata cgg caa ctg cct cct aat ttt 673  
 Tyr Pro Asn Ser Ile Gln Glu Tyr Ile Arg Gln Leu Pro Pro Asn Phe  
 125 130 135 140



tggaatggat gtgtttggcg ctgcatggga tctggtgcctt ctcttcctt ggattcacat 1680  
 cccccaccagg ggcggcgttt tactaagtgt tctgccttag attggttcaa ggaggtcatc 1740  
 caactgaccc ttatcaagtgg aattgggata tatttgatat acttctgcct aacaacatgg 1800  
 aaaagggttt tctttccctt gcaagctaca tcctactgct ttgaacttcc aagtatgtct 1860  
 agtcacccttt taaaatgtaa acatttcag aaaaatgagg attgccttcc ttgtatgcgc 1920  
 ttttacctt gactacctga attgcaaggg atttttatat attcataatgt tacaaagtca 1980  
 gcaactctcc tgggttca ttattgaatg tgctgtaaat taagggtttt gcaattaaaa 2040  
 caagggttgc ccac 2054

【0085】

<210> 23

<211> 1380

<212> DNA

<213> Homo Sapience

<220>

<221> CDS

<222> (43)...(630)

<400> 23

gcagtctgtc tgagggcgcc cgaagtggct ggctcattta ag atg agg ctt ctg 54

Met Arg Leu Leu

1

ctg ctt ctc cta gtg gcg gcg tct gcg atg gtc cgg agc gag gcc tcg 102

Leu Leu Leu Leu Val Ala Ala Ser Ala Met Val Arg Ser Glu Ala Ser

5

10

15

20

gcc aat ctg ggc ggc gtg ccc agc aag aga tta aag atg cag tac gcc 150

Ala Asn Leu Gly Gly Val Pro Ser Lys Arg Leu Lys Met Gln Tyr Ala

25

30

35

acg ggg ccg ctg ctc aag ttc cag att tgt gtt tcc tga ggt tat agg 198

Thr Gly Pro Leu Leu Lys Phe Gln Ile Cys Val Ser Xaa Gly Tyr Arg

40

45

50

cggtgtttgaggagtacatgcgggttattagccagcggtacccagac	246
Arg Val Phe Glu Glu Tyr Met Arg Val Ile Ser Gln Arg Tyr Pro Asp	
55 60 65	
atccgcattgaaggagat tac ctc cct caa cca ata tat aga cac	294
Ile Arg Ile Glu Gly Glu Asn Tyr Leu Pro Gln Pro Ile Tyr Arg His	
70 75 80	
ata gca tct ttc ctg tca gtc ttc aaa cta gta tta ata ggc tta ata	342
Ile Ala Ser Phe Leu Ser Val Phe Lys Leu Val Leu Ile Gly Leu Ile	
85 90 95 100	
att gtt ggc aag gat cct ttt gct ttc ttt ggc atg caa gct cct agc	390
Ile Val Gly Lys Asp Pro Phe Ala Phe Phe Gly Met Gln Ala Pro Ser	
105 110 115	
atc tgg cag tgg ggc caa gaa aat aag gtt tat gca tgt atg atg gtt	438
Ile Trp Gln Trp Gly Gln Glu Asn Lys Val Tyr Ala Cys Met Met Val	
120 125 130	
ttc ttc ttg agc aac atg att gag aac cag tgt atg tca aca ggt gca	486
Phe Phe Leu Ser Asn Met Ile Glu Asn Gln Cys Met Ser Thr Gly Ala	
135 140 145	
ttt gag ata act tta aat gat gta cct gtg tgg tct aag ctg gaa tct	534
Phe Glu Ile Thr Leu Asn Asp Val Pro Val Trp Ser Lys Leu Glu Ser	
150 155 160	
ggt cac ctt cca tcc atg caa cca ctt gtt caa att ctt gac aat gaa	582
Gly His Leu Pro Ser Met Gln Gln Leu Val Gln Ile Leu Asp Asn Glu	
165 170 175 180	
atg aag ctc aat gtg cat atg gat tca atc cca cac cat cga tca	627
Met Lys Leu Asn Val His Met Asp Ser Ile Pro His His Arg Ser	

agatgcttc ttggcaggct cgttgtaccc tttggaaaac ctcaatgcaa gatagtgtt 800  
 cagtgcgtgc atattttggaa attctgcaca ttcatggagt gcaataatac tgtatagctt 860  
 tccccaccc tcacaaaatc acccagttaa ttttgtgtg tttttttt ttttaaggtaa 920  
 acattactac ttgttaacttt ttttcttagt catatttggaa aaagtagaaaa attgagttac 980  
 aatttggattt ttttccaaa gatgtctgtt aaatctgtt tgctttata tgaatatttg 1040  
 tttttatag tttaaaatttgc atccttggg aatccagttg aagttccaa atactttata 1100  
 agagtttatac agacatctct aatttggcca tttccagttt atacagttt caaaatata 1160  
 cagatgcaag attatggggg aaatcctata ttcagagtac tctataaatt ttttgtatg 1220  
 tttgtatgtg cgtgtgatta ccagagaact actaaaaaaa ccaactgctt tttaaatcct 1280  
 attgtgttgt taaagtgtca tgccttgacc aatctaatac attgatataat taactgggcc 1340  
 tttatactta actaaataaaa aaactaagca gatatgagtt 1380

【0086】

<210> 24

<211> 1292

<212> DNA

<213> Homo Sapience

<220>

<221> CDS

<222> (113)...(1132)

<400> 24

aaaagtgcgg ctctggcgtg gccgaagggg tggcgctgatccgcagg gcagcgacgc 60  
 gactctggtg cggccgtct tttcccccc gagctggcg tgcggccgc ca atg aac 118

Met Asn

1

tgg gag ctg ctg ctg tgg ctg gtg ctg tgc gcg ctg ctc ctg ctc 166

Trp Glu Leu Leu Leu Trp Leu Leu Val Leu Cys Ala Leu Leu Leu

5

10

15

ttg gtg cag ctg ctg cgc ttc ctg agg gct gac ggc gac ctg acg cta 214

Leu Val Gln Leu Leu Arg Phe Leu Arg Ala Asp Gly Asp Leu Thr Leu

## 特平 1 0 - 2 5 4 7 3 6

20	25	30	
cta tgg gcc gag tgg cag gga cga cgc cca gaa tgg gag ctg act gat			262
Leu Trp Ala Glu Trp Gln Gly Arg Arg Pro Glu Trp Glu Leu Thr Asp			
35	40	45	50
atg gtg gtg tgg gtg act gga gcc tcg agt gga att ggt gag gag ctg			310
Met Val Val Trp Val Thr Gly Ala Ser Ser Gly Ile Gly Glu Glu Leu			
55	60		65
gct tac cag ttg tct aaa cta gga gtt tct ctt gtg ctg tca gcc aga			358
Ala Tyr Gln Leu Ser Lys Leu Gly Val Ser Leu Val Leu Ser Ala Arg			
70	75	80	
aga gtg cat gag ctg gaa agg gtg aaa aga aga tgc cta gag aat ggc			406
Arg Val His Glu Leu Glu Arg Val Lys Arg Arg Cys Leu Glu Asn Gly			
85	90	95	
aat tta aaa gaa aaa gat ata ctt gtt ttg ccc ctt gac ctg acc gac			454
Asn Leu Lys Glu Lys Asp Ile Leu Val Leu Pro Leu Asp Leu Thr Asp			
100	105	110	
act ggt tcc cat gaa gcg gct acc aaa gct gtt ctc cag gag ttt ggt			502
Thr Gly Ser His Glu Ala Ala Thr Lys Ala Val Leu Gln Glu Phe Gly			
115	120	125	130
aga atc gac att ctg gtc aac aat ggt gga atg tcc cag cgt tct ctg			550
Arg Ile Asp Ile Leu Val Asn Asn Gly Gly Met Ser Gln Arg Ser Leu			
135	140	145	
tgc atg gat acc agc ttg gat gtc tac aga aag cta ata gag ctt aac			598
Cys Met Asp Thr Ser Leu Asp Val Tyr Arg Lys Leu Ile Glu Leu Asn			
150	155	160	
taa tta ggg acg gtg tcc ttg aca aaa tgt gtt ctg cct cac atg atc			646
gag agg aag caa gga aag att gtt act gtg aat agc atc ctg ggt atc			694

Glu	Arg	Lys	Gln	Gly	Lys	Ile	Val	Thr	Val	Asn	Ser	Ile	Leu	Gly	Ile	
180																
ata	tct	gta	cct	ctt	tcc	att	gga	tac	tgt	gct	agc	aag	cat	gct	ctc	742
Ile	Ser	Val	Pro	Leu	Ser	Ile	Gly	Tyr	Cys	Ala	Ser	Lys	His	Ala	Leu	
195																
cgg	ggt	ttt	ttt	aat	ggc	ctt	cga	aca	gaa	ctt	gcc	aca	tac	cca	ggt	790
Arg	Gly	Phe	Phe	Asn	Gly	Leu	Arg	Thr	Glu	Leu	Ala	Thr	Tyr	Pro	Gly	
215																
ata	ata	gtt	tct	aac	att	tgc	cca	gga	cct	gtg	caa	tca	aat	att	gtg	838
Ile	Ile	Val	Ser	Asn	Ile	Cys	Pro	Gly	Pro	Val	Gln	Ser	Asn	Ile	Val	
230																
gag	aat	tcc	cta	gct	gga	gaa	gtc	aca	aag	act	ata	ggc	aat	aat	gga	886
Glu	Asn	Ser	Leu	Ala	Gly	Glu	Val	Thr	Lys	Thr	Ile	Gly	Asn	Asn	Gly	
245																
gac	cag	tcc	cac	aag	atg	aca	acc	agt	cgt	tgt	gtg	cgg	ctg	atg	tta	934
Asp	Gln	Ser	His	Lys	Met	Thr	Thr	Ser	Arg	Cys	Val	Arg	Leu	Met	Leu	
260																
atc	agc	atg	gcc	aat	gat	ttg	aaa	gaa	gtt	tgg	atc	tca	gaa	caa	cct	982
Ile	Ser	Met	Ala	Asn	Asp	Leu	Lys	Glu	Val	Trp	Ile	Ser	Glu	Gln	Pro	
275																
ttc	ttg	tta	gta	aca	tat	ttg	tgg	caa	tac	atg	cca	acc	tgg	gcc	tgg	1030
Phe	Leu	Leu	Val	Thr	Tyr	Leu	Trp	Gln	Tyr	Met	Pro	Thr	Trp	Ala	Trp	
295																
tgg	ata	acc	aac	aag	atg	ggg	aag	aaa	agg	att	gag	aac	ttt	aag	agt	1078
Trp	Ile	Thr	Asn	Lys	Met	Gly	Lys	Arg	Ile	Glu	Asn	Phe	Lys	Ser		
310																
ggt	gtg	gat	gca	gac	tct	tct	tat	ttt	aaa	atc	ttt	aag	aca	aaa	cat	1126
Gly	Val	Asp	Ala	Asp	Ser	Ser	Tyr	Phe	Lys	Ile	Phe	Lys	Thr	Lys	His	
325																
330																
335																

gac tgaaaagagc atctgtactt ttcaagccac tggaggaaaa aatggaaaac a 1180

Asp

tgaaaacagc aatcttccta tgcttctgaa taatcaaaga ctaatttgtg gttttacttt 1240

ttaatagata tgactttgct tccaaacatgg aatgaaataa aaaataagta at 1292

【0087】

<210> 25

<211> 2168

<212> DNA

<213> Homo Sapience

<220>

<221> CDS

<222> (56)...(1519)

<400> 25

tttccgcccgc cgccctggag gggaccgggg ctgccaggcg cccagctgtg cccag 55

atg gat ggg aca gag acc cgg cag cgg agg ctg gac agc tgt ggc aag 103

Met Asp Gly Thr Glu Thr Arg Gln Arg Arg Leu Asp Ser Cys Gly Lys

1 5 10 15

cca ggg gag ctg ggg ctt cct cac ccc ctc agc aca gga gga ctc cct 151

Pro Gly Glu Leu Gly Leu Pro His Pro Leu Ser Thr Gly Gly Leu Pro

20 25 30

gta gcc tca gaa gat gga gct ctc agg gcc cct gag agc caa agc gtg 199

Val Ala Ser Glu Asp Gly Ala Leu Arg Ala Pro Glu Ser Gln Ser Val

35 40 45

acc ccc aag cca ctg gag act gag cct agc agg gag acc gcc tgg tcc 247

Thr Pro Lys Pro Leu Glu Thr Glu Pro Ser Arg Glu Thr Ala Trp Ser

ala ggc ctc tag gtc aac aag ccc ccc gtc ccc gtc ccc gtc ccc gtc

Ile Gly Leu Gln Val Thr Val Pro Phe Met Phe Ala Gly Leu Gly Leu

65	70	75	80	
tcc tgg gcc ggc atg ctt ctg gac tat ttc cag cac tgg cct gtg ttt				343
Ser Trp Ala Gly Met Leu Leu Asp Tyr Phe Gln His Trp Pro Val Phe				
85	90	95		
gtg gag gtg aaa gac ctt ttg aca ttg gtg ccg ccc ctg gtg ggc ctg				391
Val Glu Val Lys Asp Leu Leu Thr Leu Val Pro Pro Leu Val Gly Leu				
100	105	110		
aag ggg aac ctg gag atg aca ctg gca tcc aga ctc tcc aca gct gcc				439
Lys Gly Asn Leu Glu Met Thr Leu Ala Ser Arg Leu Ser Thr Ala Ala				
115	120	125		
aac act gga caa att gat gac ccc cag gag cag cac aga gtc atc agc				487
Asn Thr Gly Gln Ile Asp Asp Pro Gln Glu Gln His Arg Val Ile Ser				
130	135	140		
agc aac ctg gcc ctc atc cag gtg cag gcc act gtc gtg ggg ctc ttg				535
Ser Asn Leu Ala Leu Ile Gln Val Gln Ala Thr Val Val Gly Leu Leu				
145	150	155	160	
gct gct gtg gct gcg ctg ctg ttg ggc gtg gtg tct cga gag gaa gtg				583
Ala Ala Val Ala Ala Leu Leu Leu Gly Val Val Ser Arg Glu Glu Val				
165	170	175		
gat gtc gcc aag gtg gag ttg ctg tgt gcc agc agt gtc ctc act gcc				631
Asp Val Ala Lys Val Glu Leu Leu Cys Ala Ser Ser Val Leu Thr Ala				
180	185	190		
ttc ctt gca gcc ttt gcc ctg ggg gtg ctg atg gtc tgt ata gtg att				679
Phe Leu Ala Ala Phe Ala Leu Gly Val Leu Met Val Cys Ile Val Ile				
195	200	205		
ggc gct cga aag ctc ggg gtc aac cca gac aac att gcc acg ccc att				727
Gly Ala Arg Lys Leu Gly Val Asn Pro Asp Asn Ile Ala Thr Pro Ile				
210	215	220		
gca gcc agc ctg gga gac ctc atc aca ctg tcc att ctg gct ttg gtt				775

Ala Ala Ser Leu Gly Asp Leu Ile Thr Leu Ser Ile Leu Ala Leu Val  
 225 230 235 240  
 agc agc ttc ttc tac aga cac aaa gat agt cgg tat ctg acg ccg ctg 823  
 Ser Ser Phe Phe Tyr Arg His Lys Asp Ser Arg Tyr Leu Thr Pro Leu  
 245 250 255  
 gtc tgc ctc agc ttt gcg gct ctg acc cca gtg tgg gtc ctc att gcc 871  
 Val Cys Leu Ser Phe Ala Ala Leu Thr Pro Val Trp Val Leu Ile Ala  
 260 265 270  
 aag cag agc cca ccc atc gtg aag atc ctg aag ttt ggc tgg ttc cca 919  
 Lys Gln Ser Pro Pro Ile Val Lys Ile Leu Lys Phe Gly Trp Phe Pro  
 275 280 285  
 atc atc ctg gcc atg gtc atc agc agt ttc gga gga ctc atc ttg agc 967  
 Ile Ile Leu Ala Met Val Ile Ser Ser Phe Gly Gly Leu Ile Leu Ser  
 290 295 300  
 aaa acc gtt tct aaa cag cag tac aaa ggc atg gcg ata ttt acc ccc 1015  
 Lys Thr Val Ser Lys Gln Gln Tyr Lys Gly Met Ala Ile Phe Thr Pro  
 305 310 315 320  
 gtc ata tgt ggt gtt ggc aat ctg gtg gcc att cag acc agc cga 1063  
 Val Ile Cys Gly Val Gly Gly Asn Leu Val Ala Ile Gln Thr Ser Arg  
 325 330 335  
 atc tca acc tac ctg cac atg tgg agt gca cct ggc gtc ctg ccc ctc 1111  
 Ile Ser Thr Tyr Leu His Met Trp Ser Ala Pro Gly Val Leu Pro Leu  
 340 345 350  
 cag atg aag aaa ttc tgg ccc aac ccg tgt tct act ttc tgc acg tca 1159  
 Gln Met Lys Lys Phe Trp Pro Asn Pro Cys Ser Thr Phe Cys Thr Ser  
 355 360 365  
 370 375 380

ggc cat ctg att ttc ttc tac atc atc tac ctg gtg gag ggt cag tca	1255		
Gly His Leu Ile Phe Phe Tyr Ile Ile Tyr Leu Val Glu Gly Gln Ser			
385	390	395	400
gtc ata aac agc cag acc ttt gtg gtg ctc tac ctg ctg gca ggc ctg	1303		
Val Ile Asn Ser Gln Thr Phe Val Val Leu Tyr Leu Leu Ala Gly Leu			
405	410	415	
atc cag gtg aca atc ctg ctg tac ctg gca gaa gtg atg gtt cgg ctg	1351		
Ile Gln Val Thr Ile Leu Leu Tyr Leu Ala Glu Val Met Val Arg Leu			
420	425	430	
act tgg cac cag gcc ctg gat cct gac aac cac tgc atc ccc tac ctt	1399		
Thr Trp His Gln Ala Leu Asp Pro Asp Asn His Cys Ile Pro Tyr Leu			
435	440	445	
aca ggg ctg ggg gac ctg ctc ggt act ggc ctc ctg gca ctc tgc ttt	1447		
Thr Gly Leu Gly Asp Leu Leu Gly Thr Gly Leu Leu Ala Leu Cys Phe			
450	455	460	
ttc act gac tgg cta ctg aag agc aag gca gag ctg ggt ggc atc tca	1495		
Phe Thr Asp Trp Leu Leu Lys Ser Lys Ala Glu Leu Gly Gly Ile Ser			
465	470	475	480
gaa ctg gca tct gga cct ccc taactgggcc ccgctggtcc catttgctca ttag	1550		
Glu Leu Ala Ser Gly Pro Pro			
485			
aatttcctct cacatcagtg ggatacagaa ttcatgttctt cccttgcctt gtccttggaa	1610		
tggttgcacc ctgcctctgc agtagccttt tggatgtctg ctaaggttagc tctcacacac	1670		
ctcggctctg ggggtgatac ctgagcctgc aatagagccc tggaaatcaag agcatggctt	1730		
gagtggtgtga atatgtatgt tgccatgtc taatgagcgt gcaagtgtgc acacgttgt	1790		
ggagaggagg gtgttctggc ctgagaagct aaagaagagg catgtccagt atgctttgca	1850		
gggtgtgttt gctctttcc atgcccattgc aacccagatt ggggtggagc aggaaggagc	1910		
tctttctgt tcccaagcct cagaactctt gagctgtggc ttacttgctg tcttcaccag	1970		
gttcaagctc cgtggccac actgctgctg tgccaagaag gtgtacagcc tccccaggat	2030		

ggggcctcat acaacccttc atctgactc aacatataat cgtgccttg ctgtctttt 2090  
 atttccctt ttgttagcaa aaaccttat ttagatttca ataatcagag aagtgtaaaa 2150  
 taaaacagat tatattgt 2168

[0088]

<210> 26

<211> 1357

<212> DNA

<213> Homo Sapience

<220>

<221> CDS

<222> (81)...(1262)

<400> 26

cgtgcgtttg tggccgtccg gcctccctga catgcagccc tctggacccc gaggttggac 60  
 cctactgtga cacacctacc atg cgg aca ctc ttc aac ctc ctc tgg ctt 110

Met Arg Thr Leu Phe Asn Leu Leu Trp Leu

1 5 10

gcc ctg gcc tgc agc cct gtt cac act acc ctg tca aag tca gat gcc 158

Ala Leu Ala Cys Ser Pro Val His Thr Thr Leu Ser Lys Ser Asp Ala

15 20 25

aaa aaa gcc gcc tca aag acg ctg ctg gag aag agt cag ttt tca gat 203

Lys Lys Ala Ala Ser Lys Thr Leu Leu Glu Lys Ser Gln Phe Ser Asp

30 35 40

aag ccg gtg caa gac cgg ggt ttg gtg gtg acg gac ctc aaa gct gag 254

Lys Pro Val Gln Asp Arg Gly Leu Val Val Thr Asp Leu Lys Ala Glu

45 50 55

agt gtg gtt ctt gag cat cgc agc tac tgc tcg gca aag gcc cgg gac 302

aga cac ttt gct ggg gat gta ctg ggc tat gtc act cca tgg aac agc 350

Arg His Phe Ala Gly Asp Val Leu Gly Tyr Val Thr Pro Trp Asn Ser  
 75 80 85 90  
 cat ggc tac gat gtc acc aag gtc ttt ggg agc aag ttc aca cag atc 398  
 His Gly Tyr Asp Val Thr Lys Val Phe Gly Ser Lys Phe Thr Gln Ile  
 95 100 105  
 tca ccc gtc tgg ctg cag ctg aag aga cgt ggc cgt gag atg ttt gag 446  
 Ser Pro Val Trp Leu Gln Leu Lys Arg Arg Gly Arg Glu Met Phe Glu  
 110 115 120  
 gtc acg ggc ctc cac gac gtg gac caa ggg tgg atg cga gct gtc agg 494  
 Val Thr Gly Leu His Asp Val Asp Gln Gly Trp Met Arg Ala Val Arg  
 125 130 135  
 aag cat gcc aag ggc ctg cac ata gtg cct cgg ctc ctg ttt gag gac 542  
 Lys His Ala Lys Gly Leu His Ile Val Pro Arg Leu Leu Phe Glu Asp  
 140 145 150  
 tgg act tac gat gat ttc cgg aac gtc tta gac agt gag gat gag ata 590  
 Trp Thr Tyr Asp Asp Phe Arg Asn Val Leu Asp Ser Glu Asp Glu Ile  
 155 160 165 170  
 gag gag ctg agc aag acc gtg gtc cag gtg gca aag aac cag cat ttc 638  
 Glu Glu Leu Ser Lys Thr Val Val Gln Val Ala Lys Asn Gln His Phe  
 175 180 185  
 gat ggc ttc gtg gtg gag gtc tgg aac cag ctg cta agc cag aag cgc 686  
 Asp Gly Phe Val Val Glu Val Trp Asn Gln Leu Leu Ser Gln Lys Arg  
 190 195 200  
 gtg ggc ctc atc cac atg ctc acc cac ttg gcc gag gct ctg cac cag 734  
 Val Gly Leu Ile His Met Leu Thr His Leu Ala Glu Ala Leu His Gln  
 205 210 215  
 gcc cgg ctg ctg gcc ctc ctg gtc atc ccg cct gcc atc acc ccc ggg 782  
 Ala Arg Leu Leu Ala Leu Leu Val Ile Pro Pro Ala Ile Thr Pro Gly  
 220 225 230

acc gac cag ctg ggc atg ttc acg cac aag gag ttt gag cag ctg gcc	830
Thr Asp Gln Leu Gly Met Phe Thr His Lys Glu Phe Glu Gln Leu Ala	
235 240 245 250	
ccc gtg ctg gat ggt ttc agc ctc atg acc tac gac tac tct aca gcg	878
Pro Val Leu Asp Gly Phe Ser Leu Met Thr Tyr Asp Tyr Ser Thr Ala	
255 260 265	
cat cag cct ggc cct aat gca ccc ctg tcc tgg gtt cga gcc tgc gtc	926
His Gln Pro Gly Pro Asn Ala Pro Leu Ser Trp Val Arg Ala Cys Val	
270 275 280	
cag gtc ctg gac ccg aag tcc aag tgg cga agc aaa atc ctc ctg ggg	974
Gln Val Leu Asp Pro Lys Ser Lys Trp Arg Ser Lys Ile Leu Leu Gly	
285 290 295	
ctc aac ttc tat ggt atg gac tac gac acc tcc aag gat gcc cgt gag	1022
Leu Asn Phe Tyr Gly Met Asp Tyr Ala Thr Ser Lys Asp Ala Arg Glu	
300 305 310	
cct gtt gtc ggg gcc agg tac atc cag aca ctg aag gac cac agg ccc	1070
Pro Val Val Gly Ala Arg Tyr Ile Gln Thr Leu Lys Asp His Arg Pro	
315 320 325 330	
cgg atg gtg tgg gac agc cag gcc tca gag cac ttc ttc gag tac aag	1118
Arg Met Val Trp Asp Ser Gln Ala Ser Glu His Phe Phe Glu Tyr Lys	
335 340 345	
aag agc cgc agt ggg agg cac gtc gtc ttc tac cca acc ctg aag tcc	1166
Lys Ser Arg Ser Gly Arg His Val Val Phe Tyr Pro Thr Leu Lys Ser	
350 355 360	
ctg cag gtg cgg ctg gag ctg gcc cgg gag ctg ggc gtt ggg gtc tct	1214
Leu Gln Val Arg Leu Glu Leu Ala Arg Glu Leu Gly Val Gly Val Ser	

... aac tgg gag ctc ggc  
 Ile Trp Glu Leu Gly Gln Gly Leu Asp Tyr Phe Tyr Asp Leu Leu

380	385	390	
agggtggcat tgccgcctcc gcgggtggacg tttttttc taagccatgg agtgagtgag			1320
cagggtgaa atacaggcct ccactccgtt tgctgtg			1357
[0 0 8 9]			
<210> 27			
<211> 711			
<212> DNA			
<213> Homo Sapience			
<220>			
<221> CDS			
<222> (8)...(598)			
<400> 27			
aaaggcg atg tgg agg gtg ccc ggc aca acc aga cgc cca gtc aca ggc			49
Met Trp Arg Val Pro Gly Thr Thr Arg Arg Pro Val Thr Gly			
1	5	10	
gag agc cct ggg atg cac cgg cca gag gcc atg ctg ctg ctg ctc acg			97
Glu Ser Pro Gly Met His Arg Pro Glu Ala Met Leu Leu Leu Thr			
15	20	25	30
ctt gcc ctc ctg ggg ggc ccc acc tgg gca ggg aag atg tat ggc cct			145
Leu Ala Leu Leu Gly Gly Pro Thr Trp Ala Gly Lys Met Tyr Gly Pro			
35	40	45	
gga gga ggc aag tat ttc agc acc act gaa gac tac gac cat gaa atc			193
Gly Gly Gly Lys Tyr Phe Ser Thr Thr Glu Asp Tyr Asp His Glu Ile			
50	55	60	
aca ggg ctg cgg gtg tct gta ggt ctt ctc ctg gtg aaa agt gtc cag			241
Thr Gly Leu Arg Val Ser Val Gly Leu Leu Val Lys Ser Val Gln			
65	70	75	
gtg aaa ctt gga gac tcc tgg gac gtg aaa ctg gga gcc tta ggt ggg			289
Val Lys Leu Gly Asp Ser Trp Asp Val Lys Leu Gly Ala Leu Gly Gly			

80	85	90	
aat acc cag gaa gtc acc ctg cag cca ggc gaa tac atc aca aaa gtc			337
Asn Thr Gln Glu Val Thr Leu Gln Pro Gly Glu Tyr Ile Thr Lys Val			
95	100	105	110
ttt gtc gcc ttc caa gct ttc ctc cgg ggt atg gtc atg tac acc agc			385
Phe Val Ala Phe Gln Ala Phe Leu Arg Gly Met Val Met Tyr Thr Ser			
115	120	125	
aag gac cgc tat ttc tat ttt ggg aag ctt gat ggc cag atc tcc tct			433
Lys Asp Arg Tyr Phe Tyr Phe Gly Lys Leu Asp Gly Gln Ile Ser Ser			
130	135	140	
gcc tac ccc agc caa gag ggg cag gtg ctg gtg ggc atc tat ggc cag			481
Ala Tyr Pro Ser Gln Glu Gly Gln Val Leu Val Gly Ile Tyr Gly Gln			
145	150	155	
tat caa ctc ctt ggc atc aag agc att ggc ttt gaa tgg aat tat cca			529
Tyr Gln Leu Leu Gly Ile Lys Ser Ile Gly Phe Glu Trp Asn Tyr Pro			
160	165	170	
cta gag gag ccg acc act gag cca cca gtt aat ctc aca tac tca gca			577
Leu Glu Glu Pro Thr Thr Glu Pro Pro Val Asn Leu Thr Tyr Ser Ala			
175	180	185	190
aac tca ccc gtg ggt cgc tagggtgggg tatggggcca tccgagctga ggcca			630
Asn Ser Pro Val Gly Arg			
195			
tctgtgtgggt ggtggctgat ggtactggag taactgagtc gggacgctga atctgaatcc			690
accaataaat aaagcttctg c			
[0 0 9 0]			
<210> 28			

<213> Homo Sapience

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (242)...(565)

&lt;400&gt; 28

aaagaaaaca gcccggggac tgcgagccag ggactcgggc cgcggggcgg gaagaagtgg 60  
 ggcagcgctt ggccaggccg aaaggacttt gggggtgggg gctgggagtc cgtgtctcga 120  
 atgagggagg agaggtggag ttgccgggc tcaggccgg cctcgagcat gggcggatga 180  
 gaggagtcgg gagccgaggc ctagggtcct tcgggtgagg ggagacggag ccagcgagga 240  
 g atg gag cag aag ctt gtg gag gag att ctt caa gca atc act atg 286

Met Glu Gln Lys Leu Val Glu Glu Ile Leu Gln Ala Ile Thr Met

1 5 10 15

tca aca gac aca ggt gtt tcc ctt cct tca tat gag gaa gat cag gga 334

Ser Thr Asp Thr Gly Val Ser Leu Pro Ser Tyr Glu Glu Asp Gln Gly

20 25 30

tca aaa ctc att cga aaa gct aaa gag gca cca ttc gta ccc gtt gga 382

Ser Lys Leu Ile Arg Lys Ala Lys Glu Ala Pro Phe Val Pro Val Gly

35 40 45

ata gcg ggt ttt gca gca att gtt gca tat gga tta tat aaa ctg aag 430

Ile Ala Gly Phe Ala Ala Ile Val Ala Tyr Gly Leu Tyr Lys Leu Lys

50 55 60

agc agg gga aat act aaa atg tcc att cat ctg atc cac atg cgt gtg 478

Ser Arg Gly Asn Thr Lys Met Ser Ile His Leu Ile His Met Arg Val

65 70 75

gca gcc caa ggc ttt gtt gta gga gca atg act gtt ggt atg ggc tat 526

Ala Ala Gln Gly Phe Val Val Gly Ala Met Thr Val Gly Met Gly Tyr

80 85 90 95

tcc atg tat cgg gaa ttc tgg gca aaa cct aag cct tagaagaa 570

Ser Met Tyr Arg Glu Phe Trp Ala Lys Pro Lys Pro

100 105

gagatgctgt cttggctttg ttggaggagc ttgccttagt tagatgtctt attattaaag 630  
 ttacctatta ttgttgaaa t 651  
 [0091]  
 <210> 29  
 <211> 1310  
 <212> DNA  
 <213> Homo Sapience  
 <220>  
 <221> CDS  
 <222> (78)...(1130)  
 <400> 29  
 cgaacgccaa ggccggccacg tcctgcctcc cctggtaag aagctgccct gggcttgcg 60  
 tccttagggtc tccagac atg tct gag gtg aag agc cgg aag aag tcg ggg 110  
 Met Ser Glu Val Lys Ser Arg Lys Lys Ser Gly  
 1 5 10  
 ccc aag gga gcc cct gct gcg gag ccc ggg aag cgg agc gag ggc ggg 158  
 Pro Lys Gly Ala Pro Ala Ala Glu Pro Gly Lys Arg Ser Glu Gly Gly  
 15 20 25  
 aag acc ccc gtg gcc cgg agc agc gga ggc ggg ggc tgg gca gac ccc 206  
 Lys Thr Pro Val Ala Arg Ser Ser Gly Gly Gly Trp Ala Asp Pro  
 30 35 40  
 cga acg tgc ctg agc ctg tcg ctg ggg acg tgc ctg ggc ctg gcc 254  
 Arg Thr Cys Leu Ser Leu Ser Leu Gly Thr Cys Leu Gly Leu Ala  
 45 50 55  
 tgg ttt gta ttt cag cag tca gaa aaa ttt gca aag gtg gaa aac caa 302  
 Trp Phe Val Phe Gln Gln Ser Glu Lys Phe Ala Lys Val Glu Asn Gln  
 Tyr Gln Leu Leu Lys Leu Glu Thr Asn Glu Phe Gln Gln Leu Gln Ser

80	85	90	
aaa atc agt tta att tca gaa aag tgg cag aaa tct gaa gct atc atg			398
Lys Ile Ser Leu Ile Ser Glu Lys Trp Gln Lys Ser Glu Ala Ile Met			
95	100	105	
gaa caa ttg aag tct ttt caa ata att gct cat cta aag cgt cta cag			446
Glu Gln Leu Lys Ser Phe Gln Ile Ile Ala His Leu Lys Arg Leu Gln			
110	115	120	
gaa gaa att aat gag gta aaa act tgg tcc aat agg ata act gaa aaa			494
Glu Glu Ile Asn Glu Val Lys Thr Trp Ser Asn Arg Ile Thr Glu Lys			
125	130	135	
cag gat ata ctg aac aac agt ctg acg acg ctt tct caa gac att aca			542
Gln Asp Ile Leu Asn Asn Ser Leu Thr Thr Leu Ser Gln Asp Ile Thr			
140	145	150	155
aaa gta gac caa agt aca act tcc atg gca aaa gat gtt ggt ctc aag			590
Lys Val Asp Gln Ser Thr Ser Met Ala Lys Asp Val Gly Leu Lys			
160	165	170	
att aca agt gta aaa aca gat ata cga cgg att tca ggt tta gta act			638
Ile Thr Ser Val Lys Thr Asp Ile Arg Arg Ile Ser Gly Leu Val Thr			
175	180	185	
gat gta ata tca ttg aca gat tct gtg caa gaa cta gaa aat aaa ata			686
Asp Val Ile Ser Leu Thr Asp Ser Val Gln Glu Leu Glu Asn Lys Ile			
190	195	200	
gag aaa gta gaa aaa aat aca gta aaa aat ata ggt gat ctt ctt tca			734
Glu Lys Val Glu Lys Asn Thr Val Lys Asn Ile Gly Asp Leu Leu Ser			
205	210	215	
agc agt att gat cga aca gca acg ctc cga aag aca gca tct gaa aat			782
Ser Ser Ile Asp Arg Thr Ala Thr Leu Arg Lys Thr Ala Ser Glu Asn			
220	225	230	235
tca caa aga att aac tct gtt aag aag acg cta acc gaa cta aag agt			830

Ser Gln Arg Ile Asn Ser Val Lys Lys Thr Leu Thr Glu Leu Lys Ser  
 240 245 250  
 gac ttc gac aaa cat aca gat aga ttt cta agc tta gaa ggt gac aga 878  
 Asp Phe Asp Lys His Thr Asp Arg Phe Leu Ser Leu Glu Gly Asp Arg  
 255 260 265  
 gcc aaa gtt ctg aag aca gtg act ttt gca aat gat cta aaa cca aag 926  
 Ala Lys Val Leu Lys Thr Val Thr Phe Ala Asn Asp Leu Lys Pro Lys  
 270 275 280  
 gtg tat aat cta aag aag gac ttt tcc cgt tta gaa cca tta gta aat 974  
 Val Tyr Asn Leu Lys Lys Asp Phe Ser Arg Leu Glu Pro Leu Val Asn  
 285 290 295  
 gat tta aca cta cgc att ggg aga ttg gtt acc gac tta cta caa aga 1022  
 Asp Leu Thr Leu Arg Ile Gly Arg Leu Val Thr Asp Leu Leu Gln Arg  
 300 305 310 315  
 gag aaa gaa att gct ttc tta agt gaa aaa ata tct aat tta aca ata 1070  
 Glu Lys Glu Ile Ala Phe Leu Ser Glu Lys Ile Ser Asn Leu Thr Ile  
 320 325 330  
 gtc caa gct gag att aag gat att aaa gat gaa ata gca cac att tca 1118  
 Val Gln Ala Glu Ile Lys Asp Ile Lys Asp Glu Ile Ala His Ile Ser  
 335 340 345  
 gat atg aat tagttt gaca ttattt gagat tagactaagg taatttttt aat 1170  
 Asp Met Asn  
 350  
 gggacctctc atgagaagac tggtaaatca aaaataatga tattttggag caaaagtcat 1230  
 tttatattta atcctatttt gtacagtaaa aataaaactt taaaacaggt tgattttcca 1290  
 aaataaatat gctaaaacct 1310

&lt;212&gt; DNA

&lt;213&gt; Homo Sapience

&lt;220&gt;

&lt;221&gt; CDS

&lt;222&gt; (233)...(556)

&lt;400&gt; 30

tggctgtatg ctattggagg gtggaaatca catctccgtt ttatccgtgt gcttggtagg	60
tgtcagccgc caccggggcc ccatatgcag atttactcgg catggtagtg gccagctct	120
aacacagctg gtatttcaag tctcctggga cctcactcag gaatgatacc ccctcagtag	180
aaggcaggcagg tgatcttaac tcctttcaaa gagcaggcct gtctgggaag cc atg	235

Met

1

tcc tca gca ggc aca gca acc cct ctg gaa atg gat cac aaa ctc act	283
Ser Ser Ala Gly Thr Ala Thr Pro Leu Glu Met Asp His Lys Leu Thr	
5 10 15	

tct cag cca ggc agg cca agc ttc tat tgt aac agt agg cac agt ata	331
Ser Gln Pro Gly Arg Pro Ser Phe Tyr Cys Asn Ser Arg His Ser Ile	
20 25 30	

gtc gga tca tca cat cag ctg ggt ttt tgg ttt agt cat cta gag tcg	379
Val Gly Ser Ser His Gln Leu Gly Phe Trp Phe Ser His Leu Glu Ser	
35 40 45	

tct gga cta aag gtc ttt cag gtc tcc ttg ccc tgt gag tgc gtg aac	427
Ser Gly Leu Lys Val Phe Gln Val Ser Leu Pro Cys Glu Cys Val Asn	
50 55 60 65	

ctc ccc acc cga att gcc tca gtt gtc ctg agc ctc atg tct ctc ctg	475
Leu Pro Thr Arg Ile Ala Ser Val Val Leu Ser Leu Met Ser Leu Leu	
70 75 80	

gtg gtg ggc cag gcc cct gca tgg gaa ggg agc ctg ctg cgg ggc agg	523
Val Val Gly Gln Ala Pro Ala Trp Glu Gly Ser Leu Leu Arg Gly Arg	

85	90	95	
cca gct ggg ggt gct cac cta tgc gca gca tgaaggtaatt gaaggac			
Pro Ala Gly Gly Ala His Leu Cys Ala Ala			
100	105		
tggttgttga tgggttgag cgtatcccttc atggccagcg cgaagtcggc caggtcagcc			
agggtgcgtgcc agcgctctct ctcggacttg tcttcctgtg ccaggggacc gtggagaaag			
tgtcaggggc cgctcaactgc agcagccctgc tctgctgcct tccctggcag tggatctgggg			
gtggattccc tacacctaga tggtaaggc cttacttttc ctccccacaaa ggagtgcgcag			
ccacgcgtac tctgacttgc cactgtgaca aagttcacgt agcaggctta ggcaaaagact			
gggcaattga gcagaggaga cggacctgtg agtctgacca cgaggcggac cccttacacct			
tggctggcc tggccctgtt cctiaggtti tgcagggttgc tccctgtttt gatccctcaa			
ctaggtgata agcactggag gggatgacc cgccttggac gtgtttctt aacctcatcc			
atataatagg gccgtggat gttttagag gtaaagcagg atgatggtgt ttaagacca			
gagcttggga ccagggctcc tacacctaattttctt ggtagctgaa caaaggctta			
aattagctta acaaaaagaac aggctgccgt cagccagagt tctgaaggcc atgccttcag			
tttcccttgt tgacaattgc tctccagttc ctatgaaagc acagagcctt agggggcctg			
gccacagaac acaaccatct taggcctgag ctgtgaacag cagggggttt gttgtctgtt			
ctgtttctct gcttgcggaa ctttctcaat aaaccctatt tcttatttt			
			1400

### 【図面の簡単な説明】

【図1】 クローンHP01470がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図2】 クローンHP02419がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP02631がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クロニンH P O 2 6 9 5がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフ

【図6】 クローンHP10530がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図7】 クローンHP10541がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図8】 クローンHP10550がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

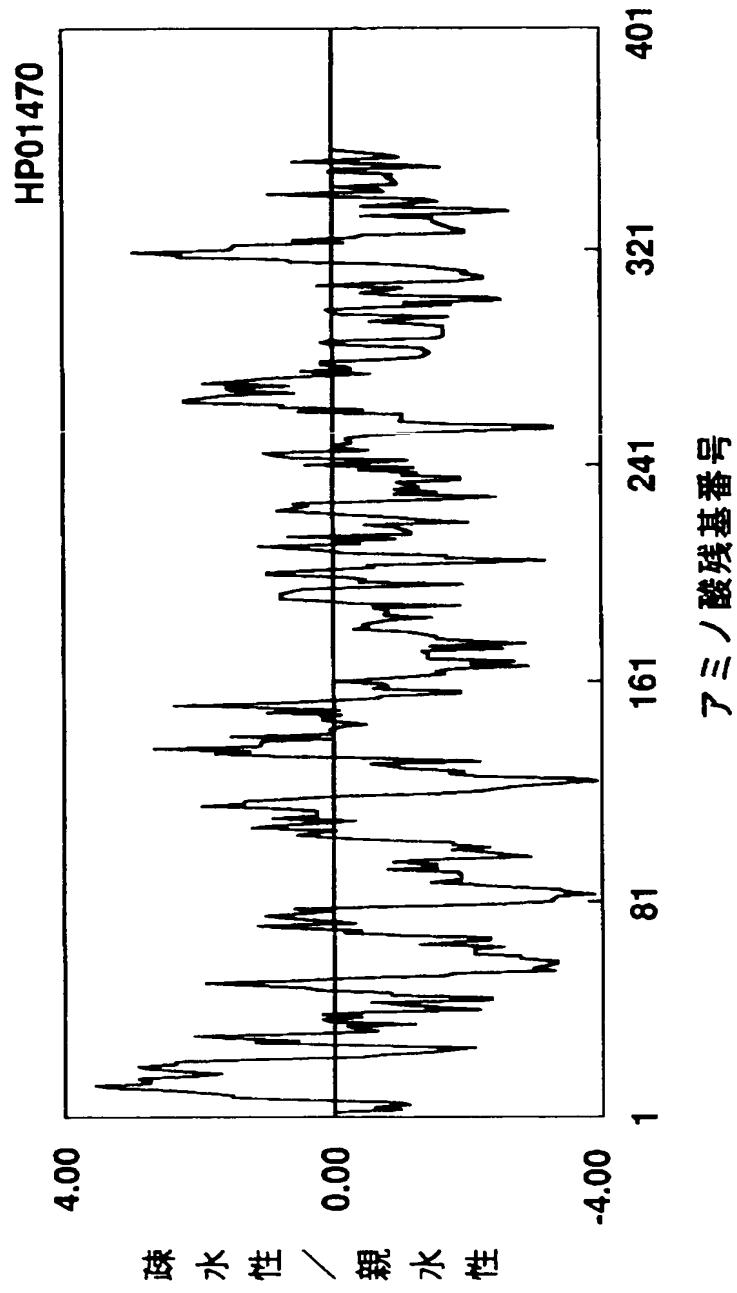
【図9】 クローンHP10590がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図10】 クローンHP10591がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

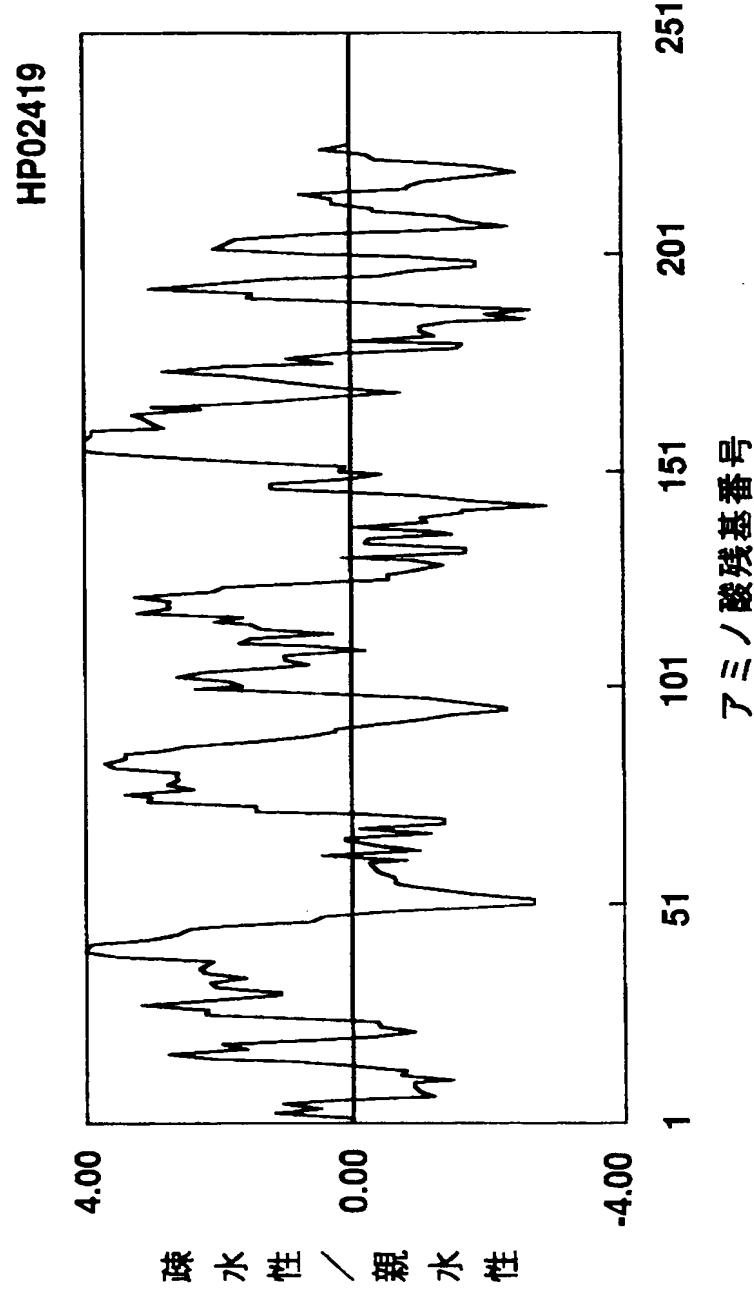
【書類名】

図面

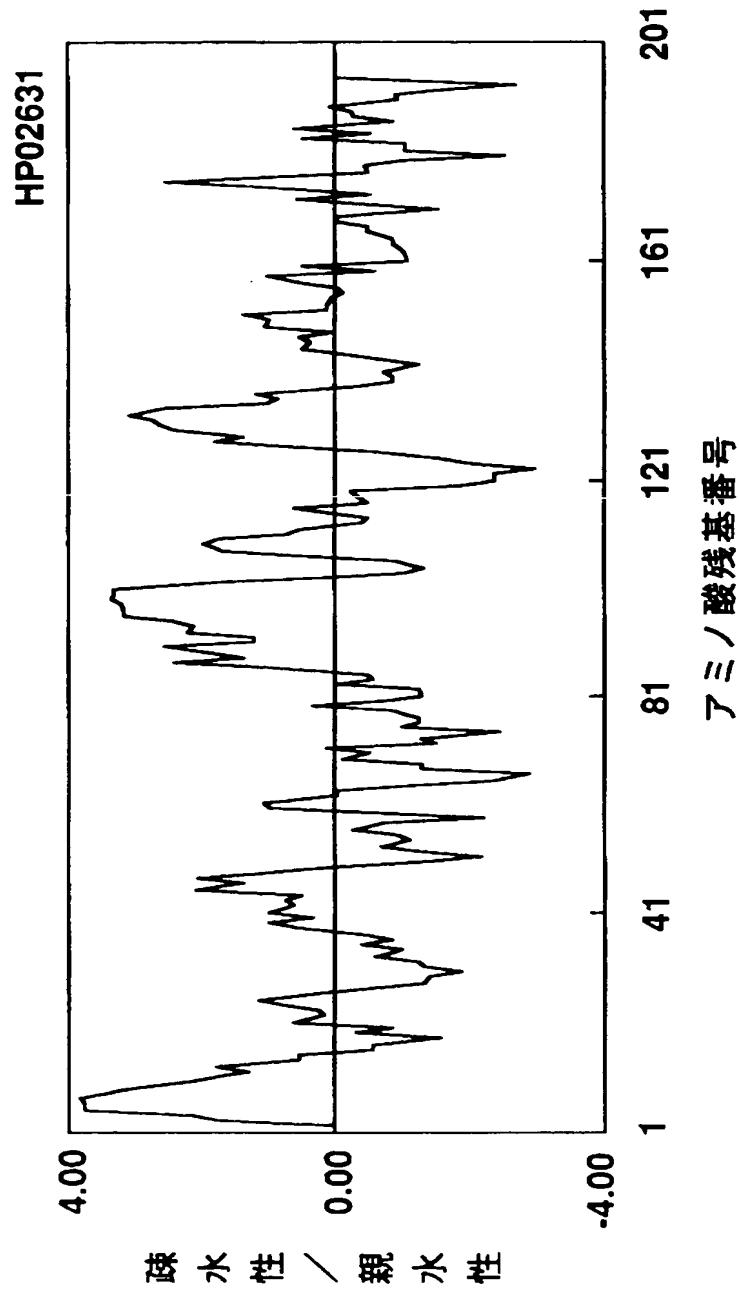
【図1】



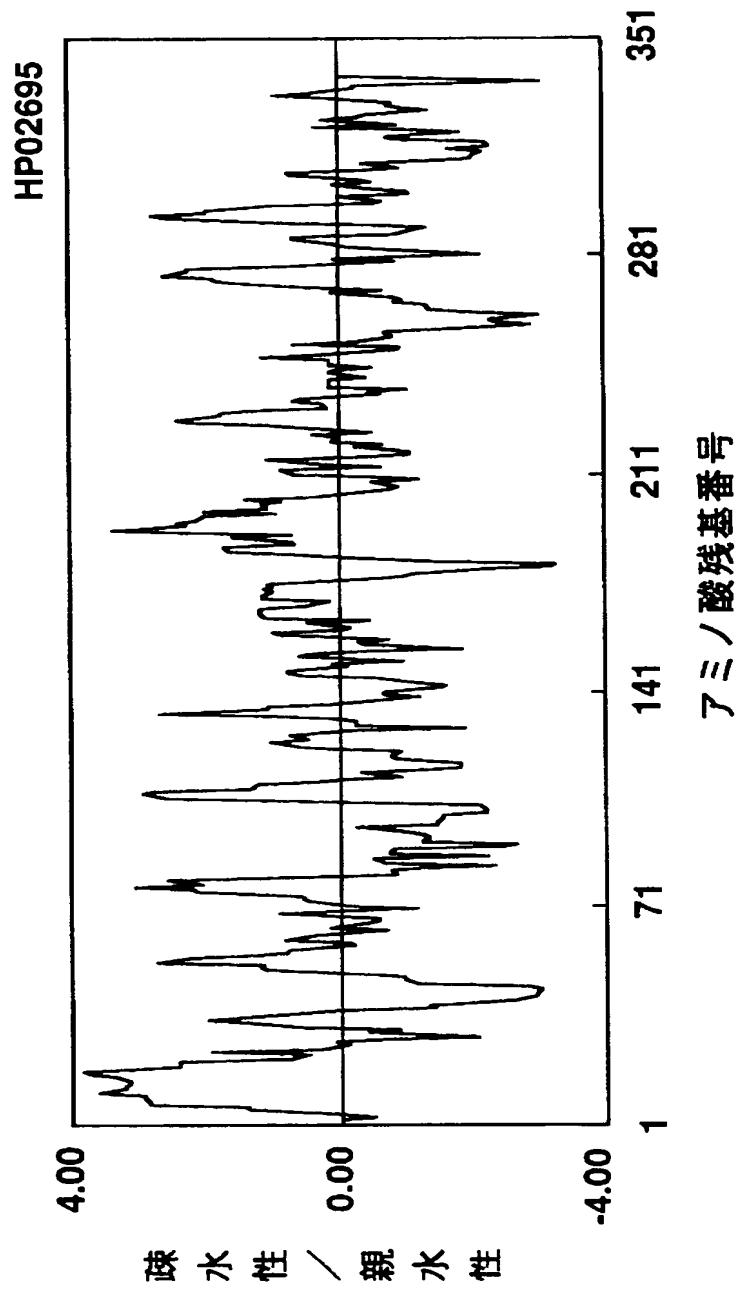
【図 2】



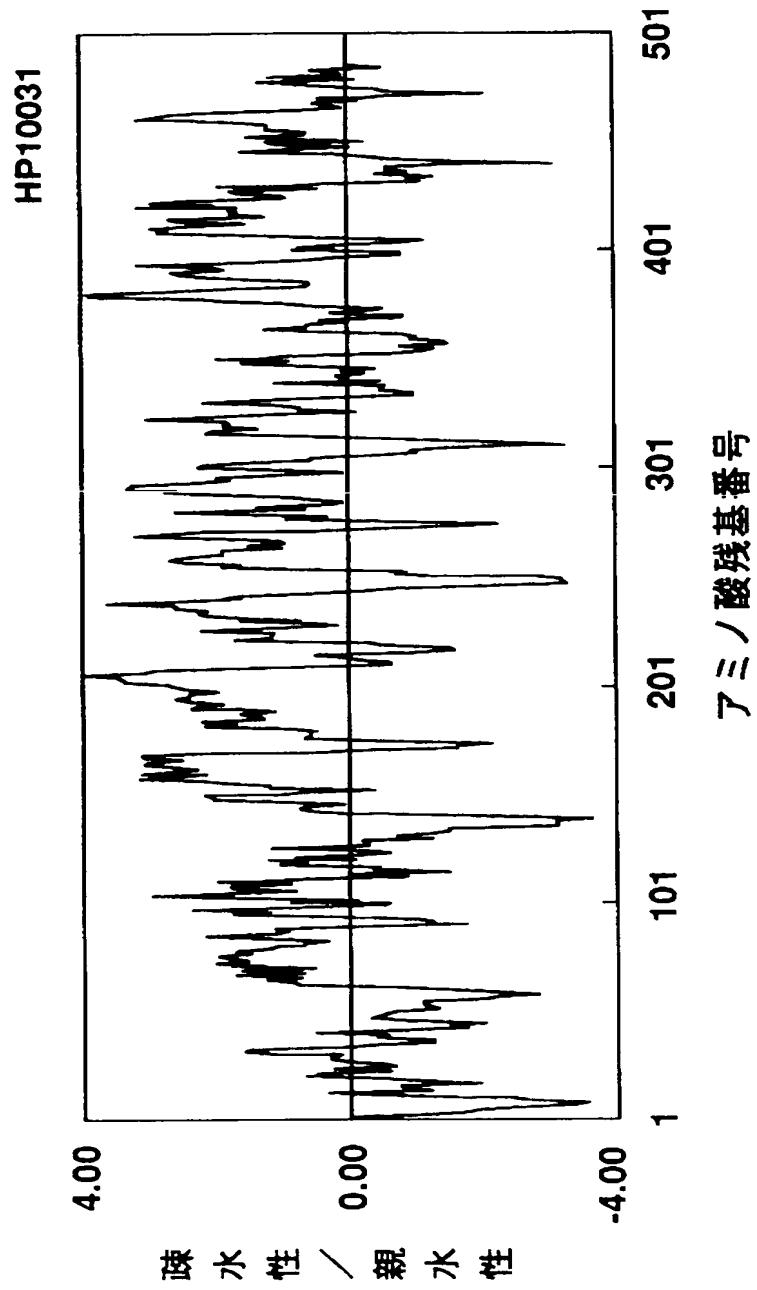
【図3】



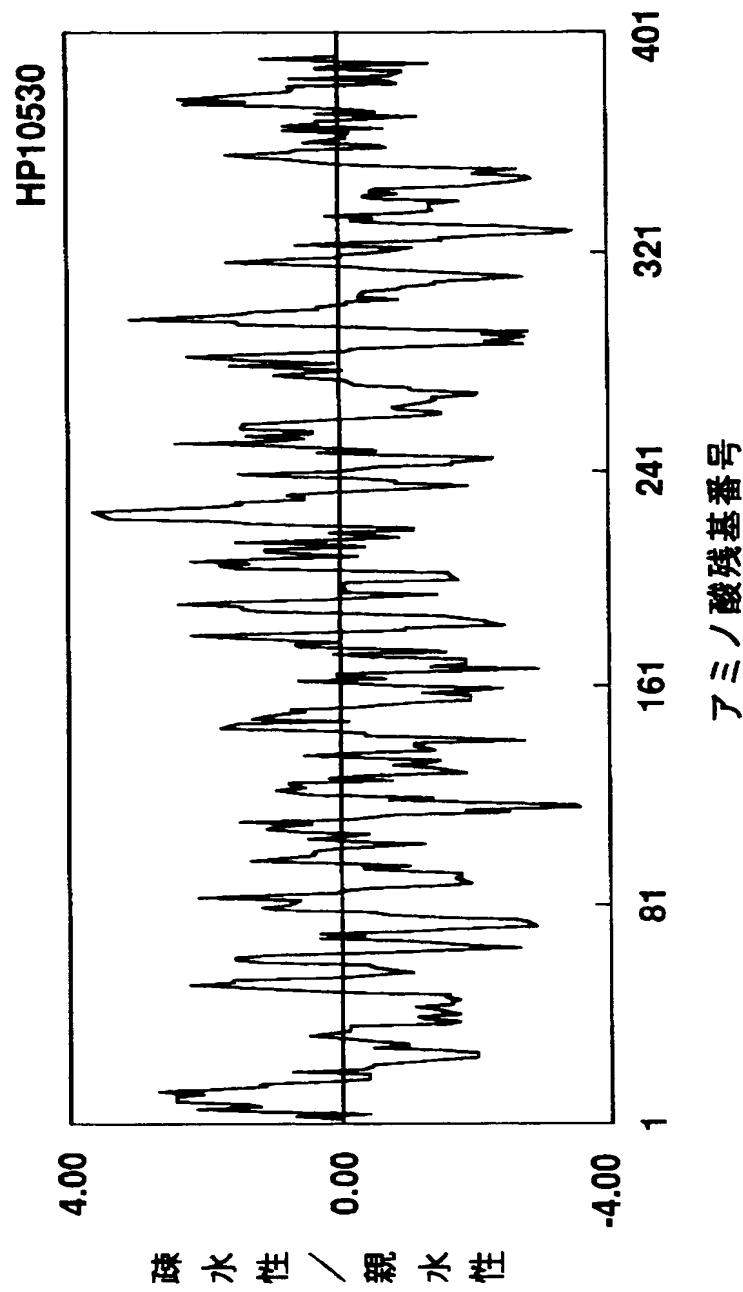
【図4】



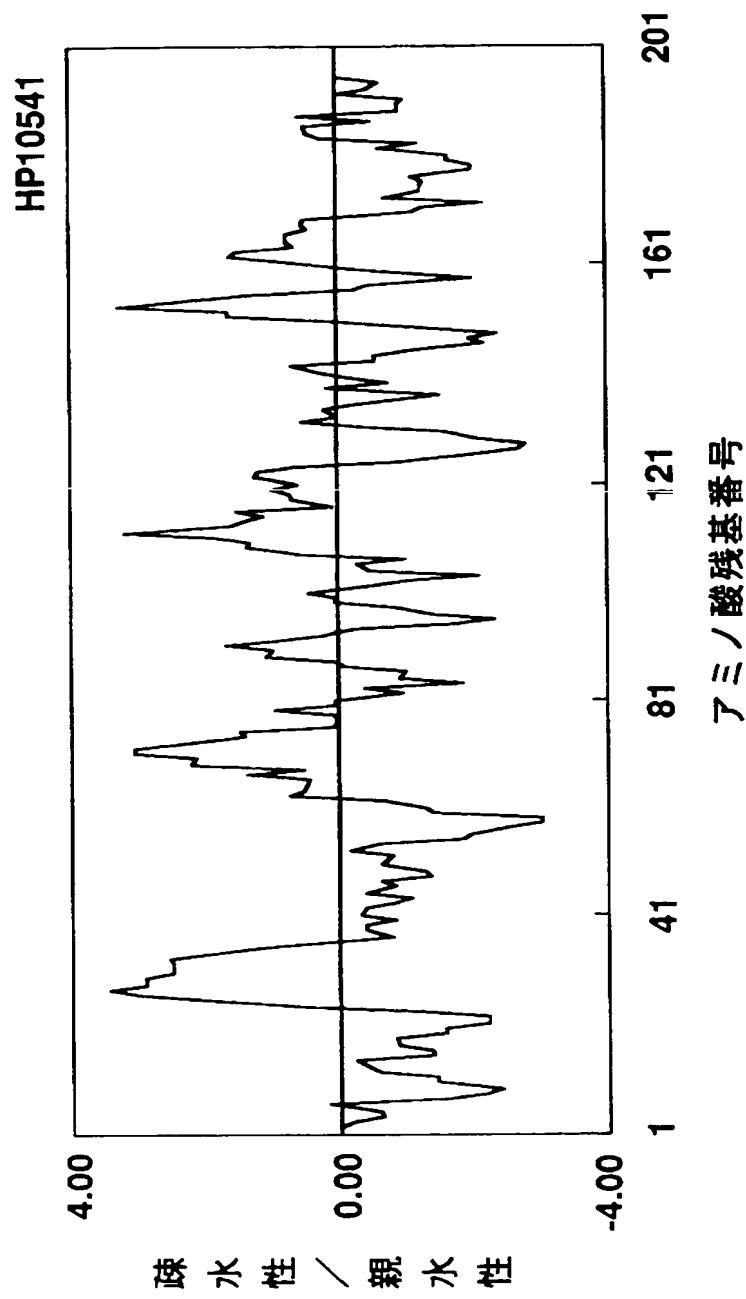
【図5】



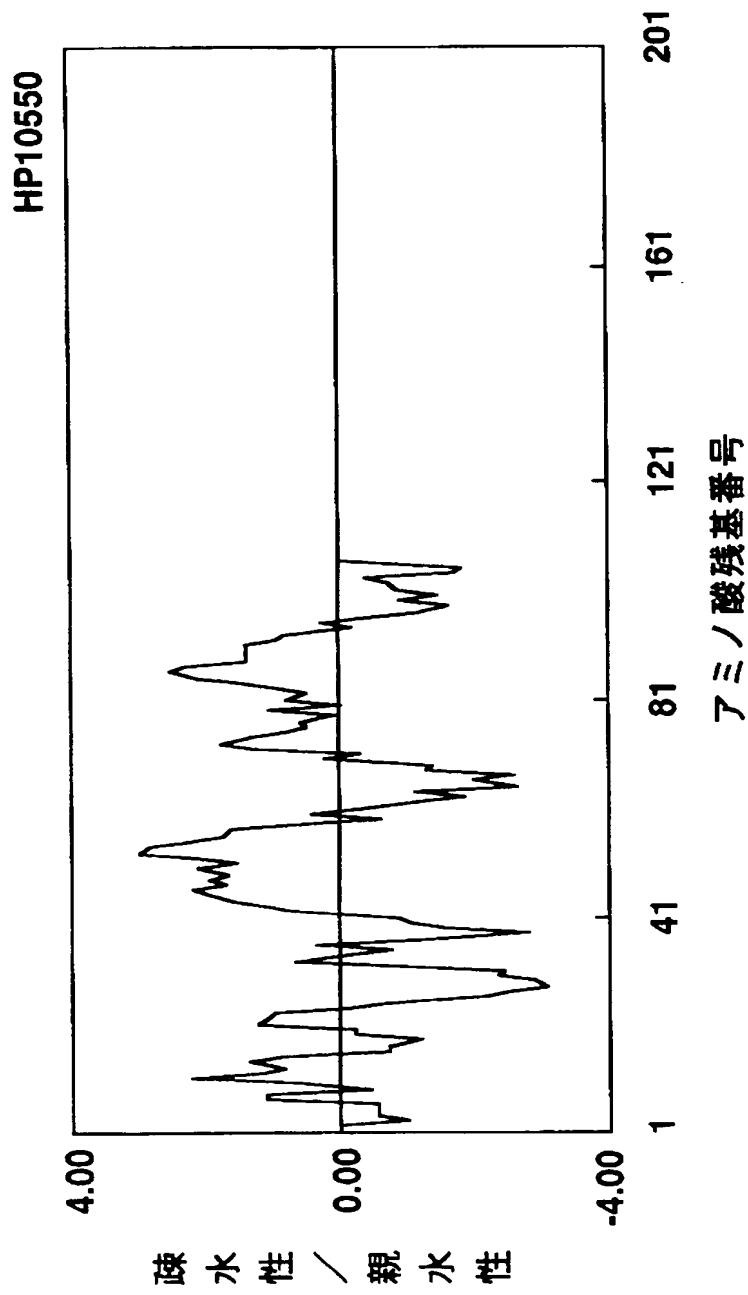
【図 6】



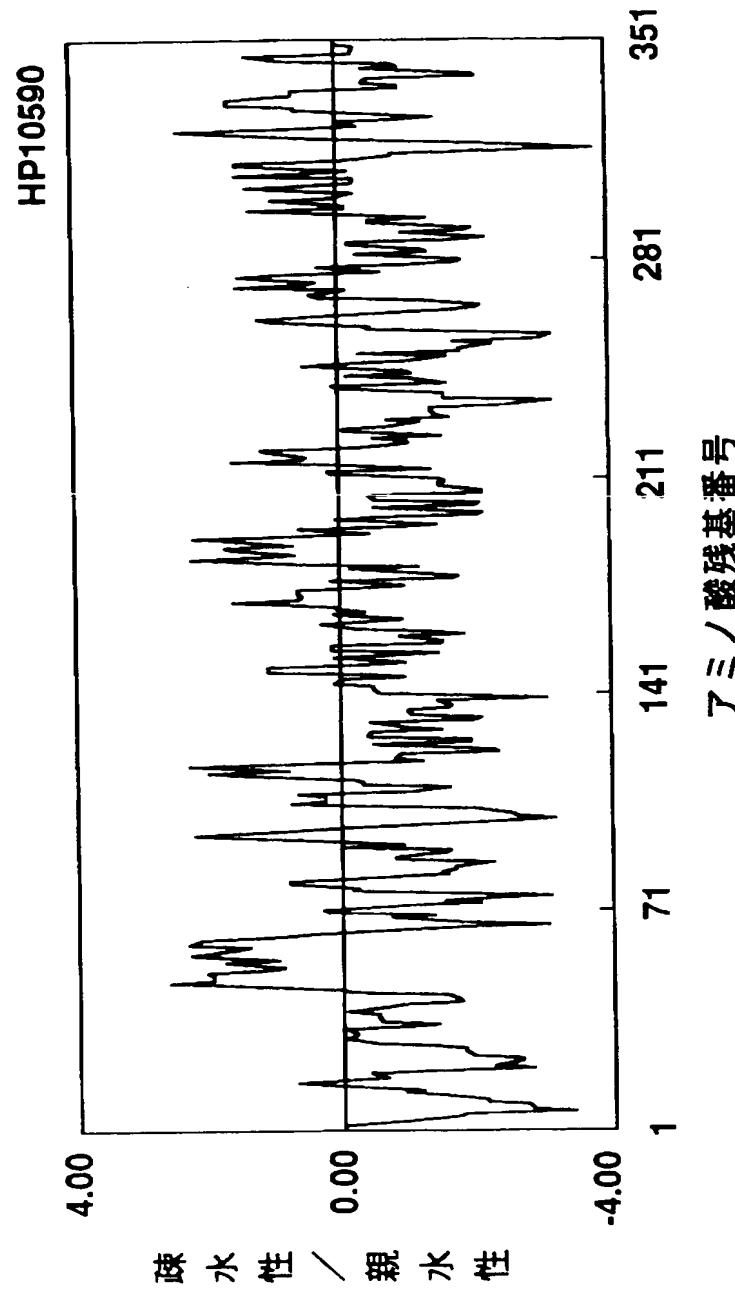
【図7】



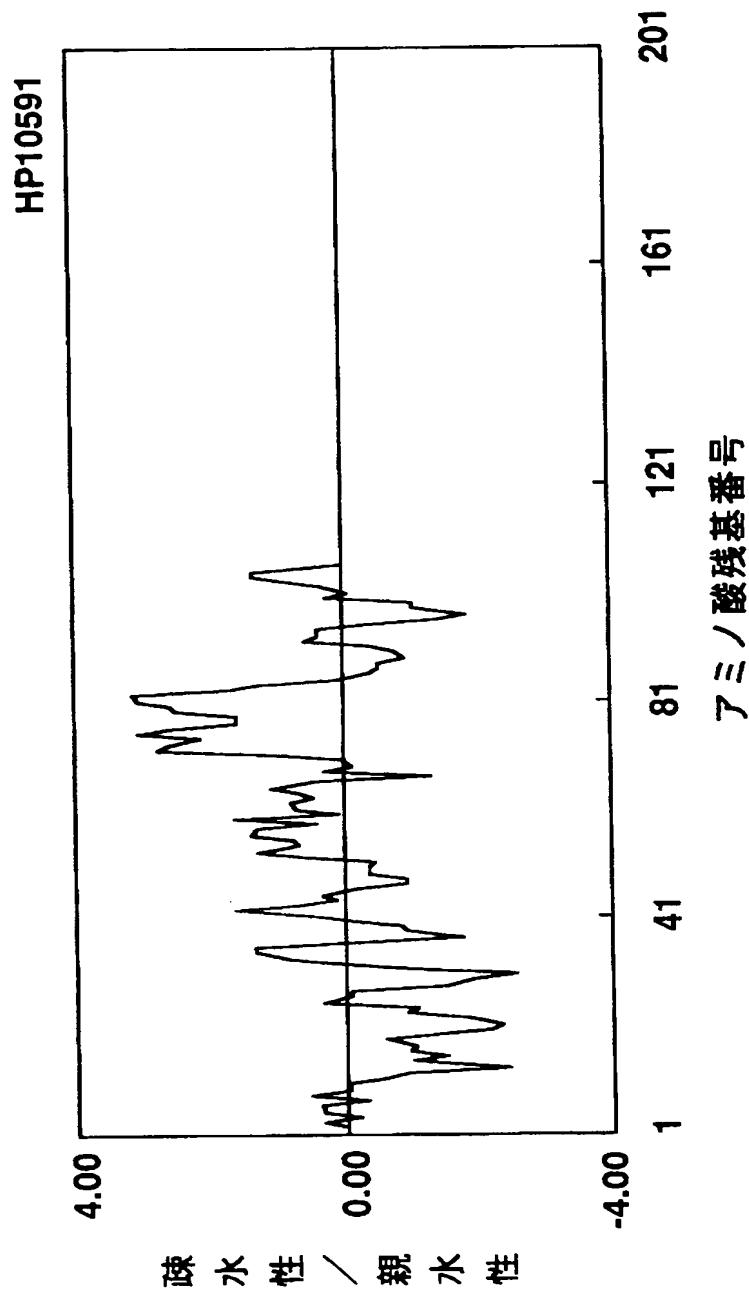
【図 8】



【図9】



【図10】



【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 疎水性ドメインを有するヒト蛋白質、それをコードしている cDNA 、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 10 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質、この蛋白質をコードする DNA 、例えば配列番号 11 から配列番号 20 で表される塩基配列を含む cDNA 、この cDNA の発現ベクター、およびこの cDNA を発現させた真核細胞。疎水性ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA の組換え体を発現させることにより、この蛋白質並びにこの蛋白質を発現する真核細胞を提供することができる。

【選択図】 なし

【書類名】 職権訂正データ  
【訂正書類】 特許願

＜認定情報・付加情報＞

【特許出願人】 申請人  
【識別番号】 000173762  
【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号  
【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所  
【特許出願人】  
【識別番号】 596134998  
【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号  
【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン

出願人履歴情報

識別番号 [000173762]

1. 変更年月日 1995年 4月14日

[変更理由] 住所変更

住 所 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号  
氏 名 財団法人相模中央化学研究所

出願人履歴情報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日 1996年 9月13日

[変更理由] 新規登録

住 所 東京都目黒区中町2丁目20番3号

氏 名 株式会社プロテジーン